

Szegedi Tudományegyetem

**A Kárpát-medence honfoglalás kori (10-11. századi)  
lakosságának valamint mai magyar nyelvű  
népcsoportoknak összehasonlító mitokondriális alapú  
filogeográfiai analízise**

Ph.D. értekezés

**Tömöry Gyöngyvér**

Témavezető: Prof. Dr. Raskó István

MTA Szegedi Biológiai Központ  
Genetikai Intézet

Szeged

2008

Mindenek előtt köszönöm **Édesanyámnak**, hogy tanulmányaim és munkám során mindvégig mellettem állt, végtelen türelemmel bátorított és segített. Köszönetemet szeretném kifejezni családomnak, akik segítsége és támogatása nélkül nem jutottam volna el idáig.

Köszönettel tartozom témavezetőmnek, **Dr. Raskó Istvánnak**, hogy lehetőséget adott, hogy a csoportjában dolgozzak, és mindig minden segítséget megadott, hogy munkám eredményes és sikeres lehessen.

Köszönet illeti csoportunk munkatársait, közöttük közvetlen munkatársaimat, **Csányi Bernadettet** és **Bogácsi-Szabó Erikát**, akikkel a munkánk során fellépő kérdéseket és nehézségeket volt lehetőségünk megvitatni. Különös hálával tartozom **Czibula Ágnesnek**, aki nemcsak szakmai kérdésekben volt önzetlenül és idejét nem kímélve mindig segítségemre, de akitől nagyon sok baráti támogatást is kaptam.

Hálával tartozom csoportunk szakasszisztenseinek, **Radóné Dudás Máriának** és **Lehőcz Istvánnénak**, hogy mindig támaszkodhattam magas szintű szakmai tudásukra, valamint nagyon sok szakmai fogást és módszert tanulhattam tőlük, ami laboratóriumi munkámat jelentősen megkönnyítette. Munkám során nemcsak nagyon sok segítséget, de mindemellett bizalmat és baráti megértést is kaptam tőlük.

Köszönettel tartozom **Langó Péternek**, a MTA Régészeti Intézet munkatársának, aki régészeti és történeti kérdésekben állt mindig készséggel a rendelkezésemre, és eredményeim ilyen irányú interpretációját is gondos értékeléssel segítette.

Végül köszönet mindenkinek, a Genetikai Intézet és az SZBK azon munkatársainak, akik egyes szakmai kérdéseimre készséggel adtak tanácsot és segítséget.

aDNS	ancient (archaikus) DNS
AMOVA	analysis of molecular variance
BSA	bovine serum albumin
CRS	Cambridge Reference Sequence
EDTA	ethylene-diamine-tetra-acetic acid
Fst	fixációs index/genetikai távolság
HVS	hipervariábilis szegmens
HVSI	hipervariábilis szegmens I. régió
HVSII	hipervariábilis szegmens II. régió
IPTG	isopropyl-beta-D-thiogalactopyranoside
mtDNS	mitokondriális DNS
MDS	multidimensional scaling
nDNS	nukleáris DNS
rCRS	revised Cambridge Reference Sequence
RFLP	restriction fragment length polymorphism
X-gal	5-bromo-4-chloro-3-indolyl- beta-D-galactopyranoside

<b>1. Bevezetés</b>	<b>6</b>
1.1. A honfoglaló magyarság	7
1.2. A székelyek	9
1.3. A csángók	10
1.3.1. Gyimesi csángók	10
1.3.2. Moldvai csángók	11
1.4. Irodalmi áttekintés	12
1.5. A régészeti genetikában használatos genetikai markerek	14
1.5.1. A mitokondriális DNS	14
1.5.1.1. Magas kópiaszám	16
1.5.1.2. Homoplazmia	16
1.5.1.3. Anyai öröklődés	17
1.5.1.4. Mutációs ráta	17
1.6. Haplocsoportok	18
1.6.1. A modern ember eredete és a Föld benépesítése	19
1.6.2. A haplocsoportok elterjedése	20
1.6.3. A fő európai haplocsoportok	23
1.6.4. A mitokondriális DNS filogenetikai alkalmazásának kérdései	26
1.7. Az ásatag DNS	28
1.7.1. Régészeti genetika	29
1.7.2. Az ásatag DNS tulajdonságai	30
1.7.3. Az ásatag DNS módosulásai és ennek következményei	31
1.8. Az eredmények hitelessége	35
<b>2. Célkitűzések</b>	<b>37</b>
<b>3. Anyagok és módszerek</b>	<b>38</b>
3.1. Mintavétel	38
3.1.1. Recens minták	38
3.1.2. Archaikus minták	38
3.2. A DNS kinyerése	40
3.2.1. Modern DNS	40
3.2.2. Archaikus DNS	40
3.2.2.1. A minták porítása	40
3.2.2.2. DNS extrakció	41
3.2.2.3. DNS izolálás	42
3.3. Az izolált DNS amplifikációja	44
3.3.1. A PCR reakció	44
3.3.2. A mitokondriális DNS HVSI régiójának analízise	44
3.3.3. A HVSI és a kódoló régió analízise	47
3.4. Szekvenálás	47
3.5. Klónozás	48
3.6. A szekvenciák kiértékelése	49
3.6.1. A mutációs pontok meghatározása, haplokategorizálás	49
3.6.2. Populációgenetikai analízis	51
3.6.2.1. Intrapopulációs paraméterek	51
3.6.2.2. Populációk közötti genetikai távolságok	52
3.6.2.3. Populációgenetikai struktúra	52
3.6.2.4. Filogenetikai hálózat és származástani fa	53
3.7. A kontamináció megelőzése	53



<b>4. Eredmények.....</b>	<b>55</b>
4.1. Ásatag DNS izolálási módszerek összehasonlítása .....	55
4.2. A PCR termékek klónozása .....	56
4.3. A populációk haplocsoportok és haplotípusok szerinti analízise .....	58
4.3.1. A honfoglalás kori populáció .....	58
4.3.1.1. Az archaikus leletek két csoportja .....	60
4.3.2. Gyimesi csángó populáció .....	64
4.3.3. Moldvai csángó populáció .....	67
4.3.4. Recens magyar populáció .....	69
4.3.5. Recens székely populáció .....	72
4.4. A magyar nyelvű populációk összehasonlítása .....	74
4.4.1. Haplocsoportok .....	74
4.4.2. Haplotípus azonosságok.....	76
4.4.2.1. Honfoglaló populáció.....	76
4.4.2.2. Modern populációk.....	77
4.5. Filogenetikai hálózat.....	79
4.6. Populációgenetikai elemzés .....	81
4.6.1. Intrapopulációs mutatók értékelése.....	81
4.6.2. Az AMOVA analízis értékelése.....	82
4.6.3. Populációk közötti genetikai távolságok értékelése.....	84
4.6.3.1. A finnugor népcsoportok analízise .....	88
<b>5. Diskusszió.....</b>	<b>90</b>
<b>6. Irodalomjegyzék.....</b>	<b>97</b>
<b>7. Közlemények jegyzéke.....</b>	<b>108</b>
<b>8. Összefoglalás.....</b>	<b>109</b>
<b>9. Summary.....</b>	<b>113</b>
<b>10. Függelék.....</b>	<b>119</b>

## 1. Bevezetés

Történeti, régészeti és nyelvészeti kutatások sok részletet feltártak már a magyar nép őstörténetével kapcsolatban.

A magyar nyelv az Európában előforduló nem-indoeurópai nyelvnek kis csoportjához tartozik, és Közép-Európában az egyetlen ilyen nyelv. A finnugor nyelvcsalád uráli ágához tartozik. A finnugor nyelvet beszélők kb. 25 milliós közösségéből három alkot önálló, államalkotó nemzetet: az észtek, a finnek, mindkettő a Baltikumban, és a magyarok a Kárpát-medencében. Finnugor nyelvet beszélő népek pl. a lappok Észak-Finnországban, az erzaszok, moksák, marik, udmurtok, és komik Oroszország északi erdős vidékein, ill. a vogulok és osztjákok az Ob mentén Nyugat-Szibériában (Vékony, 2002). A finnugor népek távoli rokonai a különböző, Szibériában élő szamojéd népek, mint a nenecek, enecek és nganaszok (Chen és mtsi, 1995).

A magyar nyelvet több helyen beszélik a mai Magyarország határain túl is, kb. 4-5 millió magyar nyelvű él az anyaországon kívül, ennek többsége a szomszédos országokban, a történelmi Magyarország területén. Közülük a székelyek Erdélyben és a csángók a Kárpátok keleti oldalán évszázadok óta nyelvileg izolált népcsoportokat alkotnak.

Világszerte, a legkülönbözőbb európai, ázsiai, amerikai és afrikai népeknél folynak történeti genetikai vizsgálatok, melyeknek célja, hogy feltárják őseik genetikai eredetét. Természetesen számos próbálkozás volt arra nézve is, hogy a magyar nyelvű népcsoportok genetikai rokonsági viszonyait feltérképezzék. Mind autoszómális, mind uniparentálisan öröklődő (mitokondriális és Y kromoszómális) markereket vizsgáltak annak megállapítására, hogy a magyar nép megőrizte-e a finnugor rokonságot genetikai állományában vagy esetleg más hatások érvényesülnek a különböző magyar népcsoportok esetében. Az ilyen jellegű tanulmányok nagy része világszerte a ma élő népesség vizsgálatán alapul.

Több ezer éve élt emberek történetéről és származásáról azonban akkor kaphatunk igazán információt, ha módunk van korabeli, ásatag leletekből származó DNS vizsgálatára. A modern genetikai és laboratóriumi módszerek egyre több és jobb lehetőséget biztosítanak a genetikai régészkedéshez is. Bár az ásatag leletekből történő DNS kinyerés mai napig nem tekinthető rutin feladatnak, a megfelelő követelményrendszerek betartása mellett megvan már a lehetősége és a technikai

feltétele annak, hogy ásatag régészeti mintákból genetikai vizsgálatokat végezzünk. Így a régészeti maradványok lehetőséget nyújtanak arra, hogy az időben visszamenjünk, és letűnt korok szervezeteinek, népességeinek genetikai rokonsági kapcsolatait tanulmányozzuk.

Az elmúlt években lehetőségünk nyílt arra, hogy a Kárpát-medence területén feltárt 10-11. századi sírokból származó csontleleteket genetikai vizsgálatnak vessük alá, s így a honfoglaló magyarság genetikai összetételét közvetlenül az érintett populációban tanulmányozzuk. Ellentétben a mai a Kárpát-medencében élő magyar népcsoportokkal ugyanis ez még mentes az azóta eltelt évszázadok genetikai hatásaitól, ezért jobban elősegítheti a magyarság eredetére vonatkozó kérdések tisztázását. Az archeogenetikai kutatások hasznos adalékokkal szolgálhatnak a magyarság korai történetével foglalkozó más tudományágak, így a történelem, antropológia, régészet, nyelvészet által vizsgált igen komplex problémakör elemzéséhez.

Bár már számos közlemény született, melynek célja a magyarok, illetve a különböző magyar népcsoportok eredetének, valamint genetikai kapcsolatainak feltárása volt, ez az első tanulmány, amely mindezeket a magyar honfoglalás korából származó, ásatag leletek alapján próbálja elemezni.

### **1.1. A honfoglaló magyarság**

A magyarok közép-európai történelme i.sz. 895-ben kezdődött, amikor a hét magyar törzs megszállta a Kárpát-medencét. Ez volt vándorlásuk utolsó állomása (1. ábra). Történelmük korábbi időszaka messze keleten lehetett, közösen legközelebbi nyelvi rokonaikkal, a vogulokkal és osztjákokkal (manysikkal és hantikkal) a nyugat-szibériai erdős sztyeppéken (Fodor, 1982). A magyarok valamikor a késő bronzkorban vagy kora vaskorban (ie. 500 körül) hagyhatták el az erdőket és váltak el nyelvi rokonaiktól. Ez időtől beszélhetünk független elő-magyarokról, akik a finnugorok közül egyedüli módon nomád lovas, sztyeppe lakó néppé váltak (Róna-Tas, 1999).

Nyugat felé tartva az Urál és a Közép-Volga vidékén telepedtek le, a Káma-Volga összefolyásánál, ami a 13. századtól *Magna Hungaria* néven ismert (Fodor, 1982). 700-750 körül a ősmagyarok elhagyták *Magna Hungariát*, és dél fele húzódtak, majd letelepedtek a Don folyó mentén fekvő sztyeppés, erdős sztyeppés vidéken, melynek neve Levédia volt. Itt szomszédságba és szövetségbe kerültek a török nyelvet

beszélő kazárokkal, illetve a velük együtt élő szintén törökül beszélő onogur bolgárokkal, szavírokkal és kabarokkal, ill. az iráni nyelvet beszélő alánokkal, akiktől a kaukázusi oszétok származnak (Berta–Róna-Tas, 2002). A velük való ősmagyar kapcsolat jól kimutatható a magyar nyelvben és kultúrában.



1. ábra Az ősmagyarok vándorlási útvonala (Diószegi-Fodor-Legeza, 1996 alapján).

A 850-es évek elején a magyarok egy másik török nyelvű nép, a besenyők elől menekülve nyugat felé vándoroltak a Dnyeper-Dnyeszter-Prut vidékére, Etelközbe. Itt ekkor a kazárokkal szembeszálló kabarok laktak (Bálint, 1989). 830 körül tovább vándoroltak a Keleti-Kárpátokhoz, majd 895-ben a hét magyar és kabar törzs Árpád vezetésével átkelt a Kárpátok hágóin (Verecke, Dukla, Uzsok) (Regino–Pertz, 1890). Így kerültek a magyarok a Duna és Tisza övezte Alföldre, ill. Erdély termékenyebb hegyes részeire.

A terület nem volt lakatlan a magyarok érkezésekor: bajor, szarmata, gót, hun, avar, szláv és más népek lakták, de a magyar honfoglalás idején a lakosság túlnyomó többsége szláv volt. A szlávok érkezése és letelepedése már az avarok idejében megkezdődött, akik az ázsiai sztyeppék korábbi bevándorlói, s még valószínű megérhették a magyar honfoglalást (Bóna, 1990; 2000).

## **1.2. A székelyek**

A székelyek napjainkban egy izolált kisebbséget alkotnak Erdély délkeleti részén, de eredetük mai napig kérdéses és ez ügyben a tudományos közvélemény sem egyezik.

A 11. századi krónikák szerint a Kárpát-medencébe érkező magyarság már itt találta őket mint Attila népének, tehát a hunoknak fennmaradt töredékét, de több olyan néppel is származási kapcsolatba hozták, amellyel a magyarság a népvándorlás korában érintkezett (kazár, kabar, besenyő, kun). Ezek az elméletek azonban tudományos módszerekkel nem nyertek bizonyítást.

A tudományos közvélemény a mai napig megosztott a kérdést illetően, ami a székelyek eredetét és Erdélybe költözését illeti. Az egyik feltevés szerint a székelyek egy külön törzset alkottak, akik még a honfoglalás előtt csatlakoztak a magyarokhoz. (Fodor, 1992; Kristó, 1992). Feltehetően török nyelvet beszéltek, de a honfoglalás idejére nyelvileg már teljesen elmagyarosodtak, viszont megőrizték népi és szervezeti egységüket. A keleti nomád népek szokása szerint, mint csatlakozott népelem az elő- és utóvéd ill. határvédelmi feladatokat láttak el. A másik elmélet alapján nem külön csatlakozott népcsoport, hanem a magyarság különböző rétegeiből megszervezett határőr csoport voltak, akik nyugaton is nagy határőrtelepeket alkottak. Innen a keleti veszedelem idején (kunok, úzok, tatárok) telepítették őket a keleti határokhoz (Benkő L., 1992; Benkő E. 1992; Bóna, 1992). Bármelyik elmélet is legyen igaz, az valószínűnek látszik, hogy a székelyeket nyugatról telepítették Erdélybe. A 10. századtól telepítik őket Biharba, majd még keletebbre, először Dél-Erdélybe (Szászföldre) majd a szászok betelepítésekor (12. század második fele) a mai Székelyföld területére.

Katonai szerepüknek köszönhetően a központi hatalom évszázadokon keresztül igyekezett fenntartani kiváltságait, szabadságait. Önálló népi arculatuk és a

magyarságtól való bizonyos különállásuk megőrzését sajátos hagyománytudatuk tette lehetővé. A különböző eredetű és nyelvjárásokat beszélő csoportok magukat egy idő után ugyanúgy székelyeknek nevezték, mint az eredeti székelység, és annak származástudatát, és népi csoporttudatát is magukénak vallották. Elősegítette ezt a különleges határvédő szerepük, helyzetük és kiváltságaik. E helyzetükkel magyarázható, hogy társadalmuk számos ősi, archaikus elemét megőrizte, s szokásaik jó része is dacolt a századok múlásával (Fodor, 1992). A magyar nyelvterület peremén fekvő Székelyföld népi kultúrája értékes archaikus rétegeket őrzött meg.

### **1.3. A csángók**

A *csángó* a székelyektől különvált népcsoportok összefoglaló neve. A szó valószínű egy már elenyészett „elvándorol”, „elszakad” jelentésű ige származéka. Csángóknak nevezik elsősorban a moldvai magyarokat (*moldvai csángók*). Így hívják a Csíkszékből a közeli Tatros folyó völgyébe költözött magyarokat (*gyimesi csángók*), illetve a Brassó melletti Hétfaluban, valamint a barcasági magyar falvak más lakóit (*hétfalusi csángók*) (Magyar Néprajzi Lexikon).

#### **1.3.1. Gyimesi csángók**

A Csíki-havasokból Moldvába futó Tatros folyó völgyében, a Gyimesi-szorosban élő magyarok neve. Három községük – Gyimesfelsőlok, Gyimesközélpók és Gyimesbükk – a folyó néhány száz méter széles, és kb. 30km hosszú fővölgyében és annak mellékágaiban, az ún. patakokban, szétszórt házcsoportokban helyezkedik el. A gyimesi csángók a 17. századtól kezdték legelőbérletként benépesíteni mai lakhelyüket. A Gyimesi-szoros lakossága nagyobb részt a csíki székelyekből, kisebb részt moldvai magyarokból és románokból származik. A népi kultúra zárt helyzete folytán a székely paraszti műveltség archaikus rétegeit őrizték meg (Magyar Néprajzi Lexikon).

### **1.3.2. Moldvai csángók**

A Keleti-Kárpátok és a Prut folyó között élő magyarság. A moldvai csángók két nagy tömbben: északon Szucsáva és Románvásár, délen Bákó környékén és a Tatros illetve a Szeret partján élnek.

A moldvai magyarok eredetét illetően sok volt a bizonytalanság. Így az idők során több, történelmileg nem megalapozott és bizonyított elmélet született. Az egyik ilyen valószínűtlen tétel szerint, a csángók a kunok leszármazottai lennének. A másik, nem kevésbé népszerű, kissé romantikus feltevés hívei azt állították, hogy a moldvai csángók ősi magját a honfoglalás idején a Kárpátokon kívül maradt magyar töredékek alkotják.

A néprajzi adatok és az okleveles források ismeretében ma már bizonyított, hogy a csángók nem keletről, hanem nyugatról, a Kárpát-medencéből érkeztek Moldvába. Az első moldvai csángó telepeket a magyar királyok hozták létre. Első csoportjai többségükben Észak-Erdélyből valószínűleg az Árpád-korban (13-14. század) vándoroltak ki. A Szeret folyó jobb partján a 13. században létesített határőrtelepek funkciója a tatár betörések visszaverése volt. Az északi területekre a Szamos völgyéből, a déliekre a Székelyföldről történt település. A csángók száma a következő évszázadokban, amikor a moldvai fejedelemség a magyar királyság hűbérese volt, folyamatosan gyarapodott. Soraikat a határőr- szolgálat, a nehéz jobbágyi sors és a nincstelenség elől kivándorló székelyek állandóan gyarapították, de közöttük találtak menedéket a Dél-Magyarországról a 15. században elmenekült magyar husziták, vagy a Rákóczi-szabadságharc menekültjei is.

Középkori források alapján a moldvai katolikusok döntő többsége magyar nevű, magyarul beszélő volt. A 17. századtól a pápa külföldi papokat küldött a római katolikus magyar nyelvű hívekhez, akik fokozatosan elszoktatták az akkor még kizárólag magyarul beszélő csángókat az anyanyelv templombéli használatától. A vallási elnyomás után, a 19. században a hivatalos rendelettel is megerősítették ezt a gyakorlatot. A gyorsan terjedő román nacionalizmus minden eszközzel megpróbálta elrománosítani a moldvai magyarokat. Magyar iskolák nem voltak, a közhivatalokban megtiltották a magyar beszédet. Ilyen körülmények között a moldvai magyarok igen archaikus nyelvjárást és népi kultúrát őriztek meg (Domokos, 2001; Diószegi L.).

A népszámlálási statisztikák számos esetben torzítanak, adataik ellentmondásosak, így létszámuk megállapítása megbízható forrás hiányában nehéz

feladat. A kutatók helyszíni tapasztalataira támaszkodhatunk. Itt egyes források alapján mintegy 40-50000-re, mások szerint 50-70000-re becsülhető a magyarnak tekinthető moldvaiak száma (Diószegi L., Magyar Néprajzi Lexikon).

#### **1.4. Irodalmi áttekintés**

A magyarok illetve a különböző magyar népcsoportok eredetéről bár nagyszámú történelmi és nyelvészeti adat áll rendelkezésünkre, és számos elmélet született a témát illetően, még mindig vannak jócskán kérdések, feltételezések és tisztázatlan területek. A maga eszközeivel természetesen a genetika is megpróbál választ keresni ezekre a kérdésekre. Több közlemény is született már, amelyek a különböző magyar nyelvű népcsoportok genetikai rokonsági viszonyait, genetikai kapcsolatrendszerét próbálják kutatni.

Guglielmino és munkatársai (1996; 2000) nukleáris polimorfizmusok alapján hasonlították össze a magyar nyelvű populációkat, referenciaként pedig ezek hipotetikus ősi népcsoportjait választották. Elemzésükből kiderül, hogy a kevert magyar populáció az európai populációkhoz áll közel, az egyes etnikai csoportok külön-külön viszont a feltételezett ősi populációjukhoz mutat közelebbi kapcsolatot. Ebből azt a következtetést vonták le, hogy ezek nyomokban megőrizték az ősi genetikai elemeket. A tanulmány szerint az uráli és az orientális népcsoportok állnak legtávolabb a magyar nyelvű populációktól. A legközelebbi genetikai kapcsolatot a szlovák és német, majd a török és iráni populációk mutatnak az etnikai csoportokhoz, míg a finnek távolabb találhatók. Az őrségiiek mutatják a legnagyobb keveredési rátát az uráli népcsoportokkal, melyből arra következtettek, hogy ők közvetlen leszármazottjai az ugor magyaroknak, és a genetikai folytonosság így módon kimutatható. A csángók és székelyek génállománya főleg iráni, de emellett török és finn elemekből áll, bár ez utóbbi a székelyeknél nem olyan jelentős. Ezek alapján feltételezhető, hogy a honfoglaló magyarok hátrahagyott törzsei lehettek, esetleg az alán és török népek alkották eredeti törzseiket. A csángók és az őrségiiek izolálódtak, és rokonságot mutattak a referencia népekkel (szlávok, ill. finn, török, iráni népek).

Semino és munkatársai (2000a) mtDNS és Y kromoszómális markerek alapján elemzett magyar (Budapest), palóc és csángó mintákat. A nukleáris markerek alapján kb. 10%-ra teszik a nem uráli eredetű elemek jelenlétét a magyar populációban.



Található azonban olyan Y kromoszómális vonal (50f2/C) amely Szibériába, ill. Közép-Ázsiába vezet vissza, és az uráli nyelvű népcsoportoknál, így a finneknél, lappoknál, észteknél megtalálható különböző arányban. Nincs jelen viszont ez az uráli Y komponens a magyar nyelvet beszélő etnikumoknál (magyar, székely, csángó). A mtDNS vizsgálatok alapján is összesen 2% az ázsiai jelenlét. Ezek az adatok arra engednek következtetni, hogy nagyon alacsony az ázsiai hatás, és nincs uráli megjelenés a magyar genetikai struktúrában, ellentétben a finn, észt és lapp populációkkal. Ebből az következik, hogy valószínű kevés honfoglaló hozhatta az uráli kultúrát, esetleg útközben felhígult a genetikai állomány más népekkel.

Lahermo és munkatársai (2000) budapesti, csángó (romániai és magyarországi), finn, lapp és erzas minták alapján vonták le következtetéseiket. A csángó populáció sokkal homogénebb, mint a magyar. A csángóknál viszont sokkal nagyobb a szekvencia egyezés a magyar populációval (13/40), mint a magyar szekvenciák csángóknál való megjelenése (3/72). A magyar és csángó populációk között nincs szignifikáns genetikai távolság, míg a csángók és finnek között igen. Ezek az eredmények hasonlóak az Y kromoszómális eredményekhez. Genetikai távolság alapján mindkettő európai típusú populáció, hasonló génállománnyal, és nem különböztethetők meg a szomszédos populációktól, illetve a többi finnugor népcsoporttól, kivéve a lappokat. A mitokondriális és Y kromoszómális mintázatok kissé különböznek a magyarok és csángók között, így a világos közös eredet ellenére látszik az izoláció nyoma. Nincs olyan elem, ami kifejezett kapcsolatot mutat a finnugor népekkel.

A legújabb e témával foglalkozó közleményekben (Brandstätter és mtsi, 2007; Egyed és mtsi, 2007) 178 székely és 182 gyimesi csángó mintát elemeztek. A székelyek haplocsoport megoszlása az Európára általánosan jellemző megoszlást és arányokat mutatja, míg a csángók ettől eltérően, egyes csoportok alul, míg mások felülreprezentáltak. Genetikai távolságok alapján a csángók szignifikánsan különböznek a vizsgált populációktól, míg a székelyek teljesen belesimulnak az európai népességbe. Mindkét populációnak van köze az ázsiai, európai-orosz ill. iráni népekhez, érdekesség viszont, hogy genetikailag közelebb állnak az iráni népekhez, mint a finnekhez. A csángók elszigeteltsége jól látható az eredményeken, viszont a két populáció közelebb áll a nyugat-eurázsiai népcsoportokhoz, mint egymáshoz. Egyed és munkatársai ezeket az eredményeket budapesti magyar mintákkal egészítették ki. Ezek alapján, míg a budapesti és a székely minták kifejezetten európai jellegű genetikai képet mutatnak és

belesimulnak a nyugat-eurázsiai populációkba, addig a csángók lényegesen különböznek az európai populációktól.

### **1.5. A régészeti genetikában használatos genetikai markerek**

A genetikai markereknek két fő forrása különböztethető meg, a nukleáris ill. az organelláris. A humán genom több, mint 99%-a a sejtmagban, míg a maradék 0,5-1%-a a mitokondriumban található.

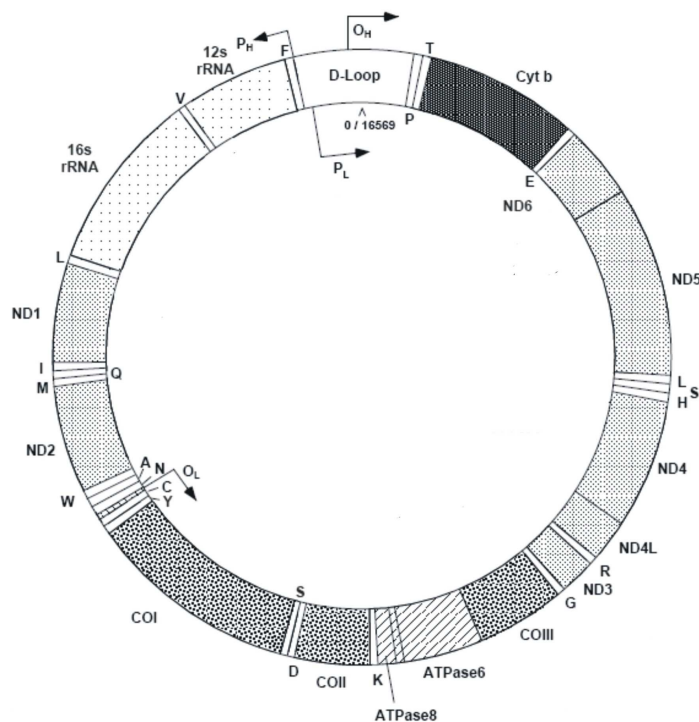
A nukleáris markerek közül a szex kromoszómák lehetőséget nyújtanak a genetikai nem meghatározására, továbbá az anyai és az apai vonalak azonosítására. Emellett mód nyílt bizonyos nemhez kötött betegségek kimutatására is.

Az autoszómális markerek leggyakoribb alkalmazása a közvetlen rokonsági viszonyok tisztázására, az apaság illetve az anyaság megállapítására irányulnak a mikroszatellita markerek segítségével, emellett ezek is alkalmasak az autoszómális genetikai betegségek kimutatására, továbbá geográfiai speciális variánsok feltérképezésére. Nem alkalmas azonban arra, hogy általa leszármazási vonalakat azonosítsunk, és közös őseket keressünk. Ennek oka a szülői kromoszómák véletlen megoszlása, valamint a kromoszómák között lejátszódó rekombináció a sejtosztódás során, melynek következtében már a második generáció után négy, majd  $n$  generáció után  $2^n$  felmenőre vezethető vissza a rokonság, aminek feldolgozása egy-két generációt leszámítva gyakorlatilag lehetetlen.

A sejtorganellumok közül a mitokondrium, és a növények kloroplasztisza rendelkezik önálló genommal. A humán populációkban a mitokondriális DNS segítségével hosszú időre visszavezethető az anyai vonal, amely többnyire földrajzi specificitást mutat. Több populáció elemzése során mtDNS alapján filogenetikai fa ill. hálózat készíthető, genetikai diverzitás, génáramlás illetve genetikai távolságok elemezhetők (Kaestle és Horsburgh, 2002).

#### **1.5.1. A mitokondriális DNS**

Az állati sejtekben a mitokondrium az egyetlen sejtorganellum, ami önálló genommal rendelkezik (2. ábra).



**2. ábra** A mitokondriális genom térképe (www.mitomap.org/MITOMAP/mitomapgenome.pdf alapján).

DNS-e kettősszálú, cirkuláris molekula. A mitokondriális genetikai információ és organizáció nagyon konzervatív az emlősök körében. A két szál a G+C tartalma alapján megkülönböztethető, és denzitás alapján sűrűség grádiens centrifugálással elválasztható egy citozinban gazdag könnyű (L) és egy guaninban gazdag nehéz (H) láncra (Fernández-Silva és mtsi, 2003). Az első humán mtDNS-t a 80-as évek elején szekvenálták meg teljes egészében (Anderson és mtsi, 1981). Egyik legfőbb tulajdonsága az állati mtDNS-nek a kompakt génszerveződés, melyben alig találhatók intronok, s a gének gyakran átfedik egymást (Fernández-Silva és mtsi, 2003). 16569 bp-on összesen 37 gén található: 13 az oxidatív foszforilációs rendszerhez tartozó alegységet, 2 riboszómális RNS-t és 22 transzfer RNS-t kódol. A mtDNS csupán két nem kódoló szakaszt tartalmaz. Az ún. D-loop (displacement loop) régió ~1100 bp hosszú, a legnagyobb nem kódoló szegmens, és a replikáció és transkripció fő szabályzó elemeit foglalja magába. Ezért kontroll régióknak is nevezik. A D-loop tartalmazza a H lánc origóját ( $O_H$ ) és a H és L lánc promóterét is a transzkripcióhoz. Ez a legvariábilisabb régió is, bár tartalmaz néhány konzervatív elemet, valószínű a regulációhoz (Fernández-Silva és mtsi, 2003).

A mitokondrium elsődleges feladata az energiatermelés ATP formájában. Az oxidatív foszforiláció melléktermékeként a mitokondrium toxikus reaktív oxigéngyököket termel, mint szuperoxid, hidrogén-peroxid és szerves hidroperoxidok. Ezek a reaktív oxigéngyökök károsítják a DNS-t, lipideket és fehérjéket, és termelődésük az életkorral nő (William és mtsi, 2004).

A mtDNS-t számos egyedi tulajdonsága teszi alkalmassá arra, hogy populációk történetét és evolúciós folyamatokat segítségével nyomon kövessük.

#### *1.5.1.1. Magas kópiaszám*

A mitokondrium a sejt energiatermeléséért felelős szervecskéje, így sejtípustól függően sejtenként több száz vagy ezer mitokondrium is megtalálható. Ráadásul egy mitokondrium több DNS molekulát is tartalmazhat (2-10), így 1000-10000 kópiában van jelen egyetlen sejtben (Fernández-Silva és mtsi, 2003). Ennek különösen archaikus leletek esetében van nagy jelentősége, ahol nagyobb az esélye annak, hogy épen maradt, molekuláris biológiai módszerekkel vizsgálható mitokondriális DNS szakaszokat találjunk, szemben a sejtenként csupán egy, két kópiában jelenlévő kromoszómális markerekkel.

#### *1.5.1.2. Homoplazmia*

Ha egy adott egyedben a mtDNS molekulák mindegyike megegyezik, ezt *homoplazmiának* nevezzük. Az mtDNS molekulában azonban különböző számban mutációk keletkezhetnek, amelyek együtt fordulnak elő a vad típussal, mely *heteroplazmiához* vezet. A sejtosztódás során aztán a mitokondriumok véletlenszerűen oszlanak el az utódsejtben, és a heteroplazmia mértékétől függ, hogy milyen hetero-, vagy homoplazmiás utód sejtvonalak keletkeznek.

A populációgenetikai alkalmazáshoz szükséges, hogy a szervezetben található mtDNS kópiák azonos szekvenciával rendelkezzenek, azonos információt hordozzanak. Az oogenezis során az mtDNS molekulák száma jelentősen lecsökken (bottleneck), így a peteérés során a kiindulási mtDNS molekuláknak csak kis hányada amplifikálódik, és jut át az utódba (Fernández-Silva és mtsi, 2003). Ennek a szelekciónak eredményeként a mitokondriális mutációk többnyire homoplazmiát mutatnak. Mai feltételezések szerint a

populációk kb. 14%-ánál figyelhető meg egy második mtDNS típus is legalább 1%-os gyakorisággal, és valószínű, hogy mindenki többféle mtDNS típussal rendelkezik (Pakendorf és Stoneking, 2005), de olyan kis mértékben, hogy ez többnyire nem zavarja a populációgenetikai analízist.

#### 1.5.1.3. Anyai öröklődés

A mitokondrium maternálisan öröklődik, így öröklődése során nem játszódik le rekombináció. Ennek oka, hogy az oocitában a spermiumból származó mitokondriumok ubiquitináció során szelektálódnak majd lebomlanak (Fernández-Silva és mtsi, 2003). Minden marker fizikailag kapcsoltságban van, tehát egy lokusznak tekinthető. Így a mtDNS szekvenciájában bekövetkező változások kizárólag a bekövetkezett mutációk eredménye képpen jönnek létre. Ez az egyik legelőnyösebb tulajdonsága, mivel így az anyai vonal hosszú időkre visszavezethető, rávilágítva ezzel a populáció anyai eredetére.

Néhány közlemény ugyan megjelent, ami a humán mtDNS-t érintő esetleges rekombinációról számolt be (Hagelberg és mtsi, 1999; Eyre-Walker és mtsi, 1999), de ezekről később bebizonyosodott, hogy téves adatokat és/vagy hibás statisztikai módszereket alkalmaztak, és az eredmények nem voltak reprodukálhatóak (Hagelberg és mtsi, 2000; Macaulay és mtsi, 1999a; Pakendorf és Stoneking, 2005).

#### 1.5.1.4. Mutációs ráta

A mtDNS mutációs rátája átlagosan 10-szerese a nukleáris DNS-ének (Brown és mtsi, 1979). Azonban a molekulán belül is jelentős különbségek figyelhetők meg. Az átlagos mutációs rátát Ingman és munkatársai (2000)  $1,7 \times 10^{-8}$  szubsztitúció/hely/évben határozták meg a teljes mitokondriális genomra, leszámítva a kontroll régiót (D-loop). A kontroll régióra ugyanis ennél jóval magasabb ráta jellemző, különösen három kitüntetett szakaszára, melyeket ezért *hipervariábilis régióknak (HVR)* vagy *hipervariábilis szegmensnek (HVS)* is neveznek (HVS I: np16024-16365, HVS II: np73-340 és HVS III: np438-574). A kontroll régió mutációs rátájára különböző becslések léteznek, amelyek a  $0,075-0,165 \times 10^{-6}$  szubsztitúció/hely/év intervallumban mozognak (Pakendorf és Stoneking, 2005), a felső határt a HVS I  $3,6 \times 10^{-6}$  bázis/generáció

(Richards és mtsi, 2000) rátája képviseli, jelezvén, hogy ez a szakasz a legvariábilisabb része a mitokondriális genomnak.

Ez a sejtmaghoz képest magas mutációs ráta számos okra vezethető vissza:

- A mtDNS fizikai kapcsolatban van a mitokondrium belső membránjával, ahol a károsító reaktív oxigéngyökök (ROS) keletkeznek, így ki van téve nagy mennyiségben jelenlévő szabad-oxigéngyökök pontmutációt okozó hatásának.
- A mitokondriális genomhoz nem kapcsolódnak hisztonok, így kevésbé védett proteinek által, amelyek védelmet nyújtanának a DNS-t érő mutagén hatások ellen.
- Sokkal kevésbé hatékony reparációs rendszerrel rendelkezik, mint a nukleusz (Fernández-Silva és mtsi, 2003), nincs jelen excíziós reparációs rendszer sem, amely lehetővé tenné a bekövetkezett pontmutációk eliminálódását.
- A replikáció során egy ideig egy háromszálú struktúra jön létre, amelyben a régi H lánc egy szakaszon (amely a D-loop régiót is tartalmazza) egyszálúvá válik, így ki van téve a mitokondrium oxidoredukciós tevékenysége eredményeként nagy mennyiségben keletkező szabad oxigéngyökök elsősorban pontmutációt okozó hatásának.
- A D-loop szakaszon bekövetkezett mutációk gyorsan rögzülnek a populációban, hiszen nem kódoló szakasz lévén erre a régióra evolúciós szelekciós nyomás nem nehezedik.
- Ha az oogenezis során a mutáns mtDNS szelektálódik nagyobb arányban, akkor néhány generáció alatt egy mutáció homoplazmiát mutathat.

Ezek a tulajdonságok alkalmassá teszik az mtDNS-t arra, hogy analízisével populációk anyai ági leszármazási vonalát nyomonkövessük.

## **1.6. Haplocsoportok**

A magas mutációs ráta és az anyai öröklődés eredményeként a szekvencia variációk kizárólag az anyai vonalon bekövetkező új mutációk akkumulációja során keletkeznek. Ez a mtDNS-ben tárolt molekuláris információ azonban nemcsak a leszármazási történetre vonatkozik, hanem a nők migrációjára is, akik ezeket hordozzák és továbbadják generációkon keresztül. Mivel ezek a folyamatok a Föld benépesítésével

párhuzamosan történnek, a mtDNS variációk egy része bizonyos földrajzi helyekhez és populációkhoz köthető. Így, ezek elemzése lehetőséget nyújt, hogy meghatározzuk, egyes elágazások mikor és hol történhettek, közös ősök találhatók, és törzsfák készíthetők. mtDNS-ek analízisével számos stabil mutációt állapítottak meg. Ezek rokon csoportokat, ún. *haplocsoportokat* definiálnak. Az összes mutáció, ami a kódoló és nem kódoló régióban megfigyelhető, ezekben a haplocsoportokban alakultak ki, és az egyéni *haplotípust* definiálják. A haplocsoportok tehát azonos ősi mtDNS molekulából származó haplotípusok csoportja, amelyek egy bizonyos megkülönböztető mutációs motívumot közösen hordoznak (Torroni és mtsi, 2006).

Az emberi populációkban évezredek során alakultak ki a filogenetikailag fontos mutációk és vándorlás útján terjednek el. A populációk közös együttélése alatt kialakult mutációk megmaradnak a genomban, míg a vándorlás során és a szétválás után kialakult mutációk már csak az adott populációra lesznek jellemzőek. Így minden populáció hordozza a közösen kialakult ősi mutációkat, ill. a vándorlása során kialakult újabb és újabb mutációkat. A haplocsoportokat meghatározó mutációk a filogenezis során csak egyszer következtek be, és lokálisan alakultak ki, így a fő haplocsoportok kontinens-specifitást mutatnak (Torroni és mtsi, 1993; 1996). Egy haplocsoport földrajzi eredetének kiinduló pontja azonban nem szükségképpen az a hely, ahol az ma a leggyakrabban előfordul, hanem az, ahol a legváltozatosabb. Torroni és munkatársai (1994, 1996) osztályozták filogenetikailag a fő haplocsoportokat, és jelölésükre az ABC nagy betűit használták.

### ***1.6.1. A modern ember eredete és a Föld benépesítése***

Az emberiség eredetére és a Föld benépesítésére történeti és régészeti adatok alapján két elmélet létezik. Az egyik a *multiregionális modell*, mely szerint a modern ember a Föld különböző pontjain megjelent ősi elődökből fejlődött. Ezzel szemben az „*out of Africa*” modell Afrikából származtatja a modern embert, majd onnan népesítette be a Földet. Ezt az elméletet látszik alátámasztani Cann és munkatársainak (1987) munkája, amelyben a modern emberiség eredetét visszavezették egyetlen múltban élt nőre, az ún. mitokondriális Évára, aki Afrikában élt 150-170000 évvel ezelőtt. Az általuk kapott filogenetikai fán két nagy ág különíthető el: egy csak afrikaiakat magába foglaló, ill. egy afrikaiakat és nem afrikaiakat tartalmazó ág. Későbbi tanulmányokban

az is láthatóvá vált (Vigilant és mtsi, 1991), hogy minden eurázsiai mtDNS ugyanabból az afrikai ágból eredeztethetők. Ez arra utal, hogy az Afrikából kivándorló kládok közül ez az egy volt akkora, hogy nem tűnt el az idők folyamán. (Richards és Macaulay, 2001).

A mitokondriális Éva tehát az a nő, akinek a mitokondriumai az összes ma élő ember mitokondriumainak legkorábbi közös ősének számítanak. Ez természetesen nem azt jelenti, hogy egyetlen egy nő élt abban az időben, akitől a mai népesség származik, de csak ennek az egynek maradtak fenn a mitokondriumai a mai napig. A többi mtDNS az idők során eltűnt, pl. úgy, hogy az adott anyai vonalon nem születtek leány utódok, s így a mitokondriális öröklődési lánc megszakadt.

Ezzel genetikailag is alátámasztást nyert az antropológiai és régészeti leletek alapján történt feltételezés, hogy Afrika lehet a mai ember eredetének színhelye.

### ***1.6.2. A haplocsoportok elterjedése***

Világszerte mtDNS variációk tanulmányozásai további bizonyítékokat szolgáltatottak erre az elméletre, nevezetesen, hogy a modern ember legfiatalabb közös őse 100000-200000 ezer évvel ezelőtt élt Afrikában (3. ábra).

Az L haplocsoport tagjai (L1, L2, L3) kizárólag Afrikában fordulnak elő, míg az M és N makrohaplocsoportok, amik Kelet-Afrikában alakultak ki az L3-ból, Európában és az Újvilágban terjedtek el. A H, I, J, K, N1b, T, U, V, és W haplocsoportok az európaiakra jellemzőek, míg az A, B, C, D Ázsiában és Amerikában, a G, Y, Z ezen belül főleg Szibériában jellemző. Az X haplocsoport kis frekvenciával mindenhol előfordul, még Észak-Afrikában is (Pakendorf és Stoneking, 2005).

Az afrikai L3 haplocsoport leszármazottai lehettek, akik 60-65000 éve elhagyták Afrikát. Az L3 két fő haplocsoportra hasadt, az M és N vonalakra, amelyek lefedik az összes nem-afrikai népeket. Az N-ből származik az R vonal. Ez a három gyöker vonal (ami valahol Kelet-Afrika és a Perzsa-öböl között alakulhatott ki) lehetett az alapítója az eurázsiai benépesedésnek. A belőlük kialakult vonalak többé kevésbé specifikusak a nagyobb földrajzi régiókban. Az M haplocsoport tagjai Ázsia benépesítésében játszottak szerepet, ami Ázsia déli partjai mentén egy igen gyors kolonizációval kezdődött. Az N haplocsoport részben Európa, másrészt Ázsia benépesítésében vett részt.

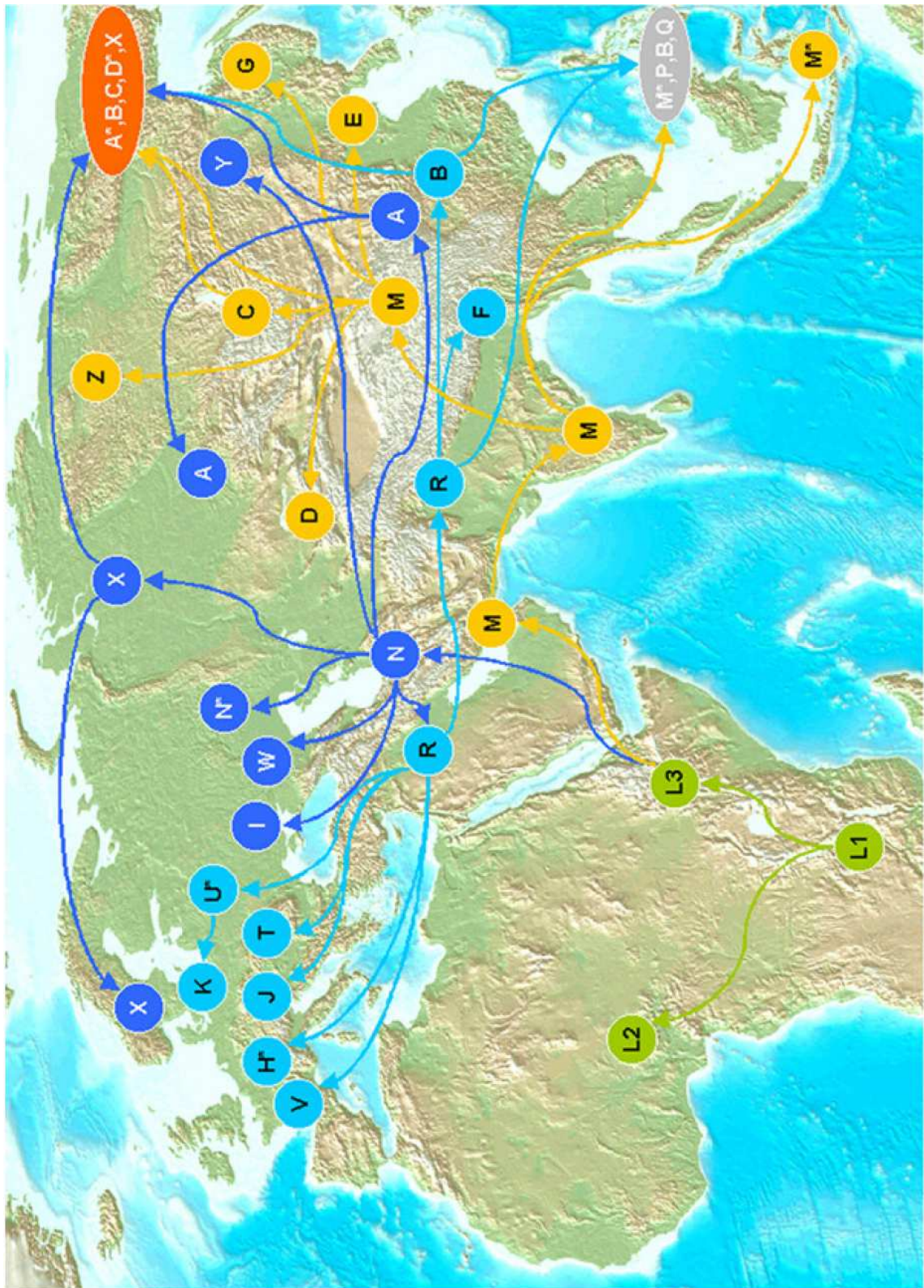


Így Ázsia benépesítése két fő útvonalon történhetett. Részben az M főhaplocsoport által délen, Indián keresztül Kelet-Ázsiába, ahol a C, D, F, G és más haplocsoportok gyors elterjedése történt. A másik ág egy, az N makrohaplocsoportból eredő kaukázusi vonal Közel-Keleten, majd Közép-Ázsián keresztül Kelet- és Észak-Ázsia fele. Az A és B vonalak csak Ázsiára jellemzőek (meg az Újvilágra), az A Közép- és Kelet-Ázsiában, míg a B Kelet-Ázsiában, Japánban, és a Csendes-óceáni szigeteken jelentős, de megtalálható Mongóliában is, ami a Kelet-Ázsián keresztül vezető útvonalát valószínűsíti. Az N illetve R makrohaplocsoportok néhány Európára jellemző kládja szintén megjelent Ázsiában is. H, V, HV, T, J haplotípusok találhatók Közép-Ázsiában, valamint a Közel-Keleten és a Kaukázusban. A nyugat-eurázsiai vonalak aránya akár a 30-40%-ot is elérheti pl. Dél-Szibéria vagy Közép-Ázsia egyes népcsoportjainál (Comas és mtsi, 1998; Derenko és mtsi, 2003). Az U2 haplocsoport egyik vonala pedig kifejezetten Indiában gyakori, ahol az M után a második leggyakoribb haplocsoport (Maca-Meyer és mtsi, 2001)

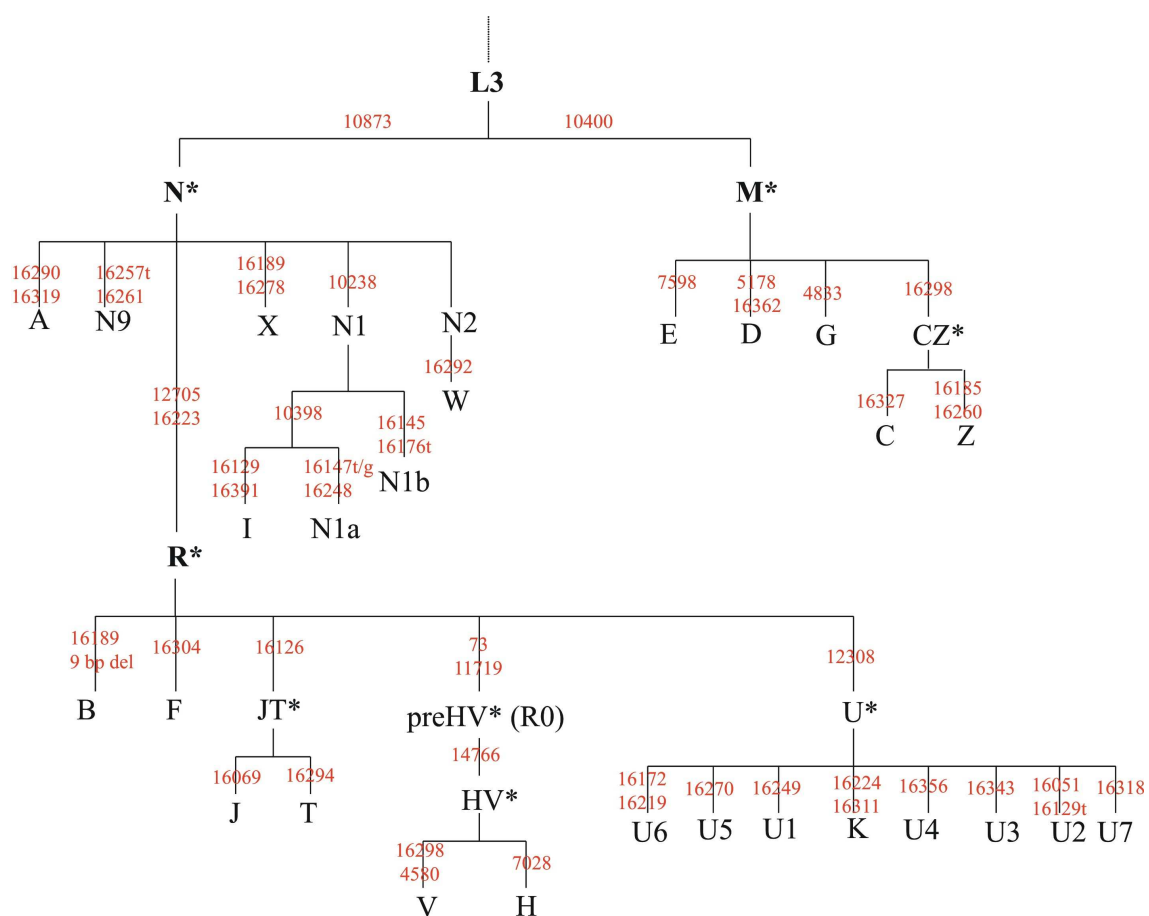
Tanulmányok arra utalnak, hogy az európai mtDNS haplocsoportok a közel-keletivel mutatnak azonosságokat, amely haplocsoportok viszont nem jellemzőek a szub-szaharai afrikaiakra és a kelet-ázsiaiakra. Ez a megállapítás az európai és közel-keleti haplocsoportok viszonylag fiatal közös ősére utal. Az európai mtDNS vonalak nagy része csupán az R három nagy ágához tartozik, történetesen az R0 (korábbi pre-HV), JT és az U, emellett még három kisebb N ág található (N1, N2 és X). Kilenc fő haplocsoport H, J, K, N1, T, U, V, W és X lefedi az európai haplotípusok 95%-át. Az alap európai haplocsoportok variációinak kialakulása 40-50000 évvel ezelőtt kezdődtek (4. ábra).

A ma leginkább elfogadott eredmények alapján az európai vonalak nagy része már a paleolitikum alatt is jelen volt a kontinensen (15-50000 éve), és csak kis hányada, kevesebb, mint 20%-a az, ami a neolit expanzióval érkezett és terjedt el. Ezt az elméletet néhány Y-kromoszómás eredmény is alátámasztja (Semino és mtsi 2000b, Rootsi és mtsi, 2004). Tehát a most Európában található fő kládok (U, JT és R0) már a késő paleolitikum idején is jelen voltak, a fő alcsoportokkal képviseltetve. A kicsi, de közel sem elhanyagolható neolit és későbbi bevándorlás néhány fiatalabb alhaplocsoportot hozott, mint J1b, J2a és a T1a és még néhány igen ritkán előfordulót (R1, R2, N1a) (Torroni és mtsi, 2006). Ez a feltevés egybevág a régészeti eredményekkel is, miszerint a neolit betelepülés a Közel-Keletről viszonylag kismértékű

lehetett. Európában kelet- és közép-ázsiai vonalak, így például az M haplotípusok megjelenése újkori migrációk következménye (Richards és mtsi, 2000).



**3. ábra** A fő haplocsoportok elterjedése a Földön (Haak, 2006).



**4. ábra** Az M és N makrohaplocsoportok egyszerűsített filogenetikai hálózata a haplocsoportokat meghatározó fontosabb polimorfizmusokkal. A számok a mutációs pontok helyét jelzik az mtDNS-en.

### 1.6.3. A fő európai haplocsoportok

Európában leggyakrabban előforduló haplocsoport a **H** (40-60%), átlagos frekvenciája 46%. A H a legnagyobb gyakoriságot a nyugati és északi országokban éri el. Általánosan jelen van a Közel-Kelet kaukazoid populációiban és Észak-Afrikában, de Észak-Indiában is. Nagyobb a divergenciája a Közel-Keleten, mint Európában, ami arra utal, hogy ott alakulhatott ki 25-30000 éve és utána terjedt el Európában. A közel-keleti eredet egybevág azzal a feltevással, hogy az európai génkészlet nagy része onnan ered, és magyarázatot ad az indiai és közép-ázsiai jelenlétére is. Több hullámban jelen volt az európai génáramlásban, de elterjedési mintázata arra enged következtetni, hogy jelentős szerepe lehetett a poszt-glaciális expanzióban délről észak fele (Richards és mtsi, 1998). A H haplocsoport legnagyobb frekvenciája a baszkoknál figyelhető meg

(~60%) (Peričić és mtsi, 2005). Valószínű, itt vészelte át a glaciális időszakot, majd terjedt a V kláddal Európában. Minden közép-észak európai populációban, ahol jelen van a V, magas a H aránya is (40-50%) (Torroni és mtsi, 1998). A pre-HV és HV haplocsoportok nagyon ritkán fordulnak elő Európában. A pre-HV 1,5% a Kelet-Mediterráneumban és Dél-Európában, a HV leggyakoribb Délkelet-Európában és a Közép-Mediterrán vidéken (Peričić és mtsi, 2005).

Ennek alhaplocsoportja a V is, de sokkal fiatalabb, mint a H. Északnyugat-Európában, az Ibériai-félszigeten, és az észak-afrikai berberekénél van jelen nagy arányban. A legnagyobb frekvenciát a lappoknál (41,6%) és a baszkoknál (12,4%) éri el (Tambets és mtsi, 2004). Az Ibériai-félszigeten a legnagyobb a diverzitása, ami arra utal, hogy itt alakulhatott ki a jégkorszaki refugiumban 12-13000 éve, majd terjedt el Észak- és Közép-Európa felé (Torroni és mtsi, 1998). Frekvenciája nyugatról kelet fele csökken. A lappoknál megfigyelt magas frekvencia egyértelműen genetikai sodródás eredménye (Sajantila és mtsi, 1995; Lahermo és mtsi, 1996).

Európában második leggyakoribb az U haplocsoport (14%)(Helgason és mtsi, 2001), amely egyben a legősibb európai haplocsoport is. Nagy diverzitást mutat és számos, filogeográfiailag igen különböző alcsoporttal rendelkezik (U1-U8), emellett a K haplocsoportot is magába foglalja. Az U\* haplocsoport elsősorban Nyugat-Euráziában jellemző, de megtalálható Közép-Keleten és Indiában, sőt Észak- és Kelet-Afrikában is. Európán belül főleg délen és keleten jelentős (Richards és mtsi, 1998). A legöregebb és legnagyobb ága az U5, kora ~50000 évre becsült (Richards és mtsi, 1998). Ennek képviselői lehettek az első anatómiailag modern emberek, akik a betelepülés első hullámával érkeztek Európába 40-50000 ezer évvel ezelőtt. Az európai szekvenciák 7%-a, az U klád 68%-a tartozik ide. Alcsoportjai, az U5a és U5a1 30-40000 éve alakultak ki. Az U5 haplocsoportnak igen érdekes a földrajzi eloszlása. U5\* előfordul Észak- és Dél-Európában is, viszont az U5a haplocsoport főleg Dél-Európában, az U5a1 viszont Északnyugat-Európában leginkább elterjedt (Richards és mtsi, 1998). Az U5b széles körben elterjedt Nyugat- és Közép-Európában, de egy bizonyos alcsoportja az U5b1 (16144-16189-16270 mintázattal) kizárólag a lappokra ill. a szomszéd populációkra jellemző (Sajantila és mtsi, 1995).

Második legnépesebb az U4 haplocsoport, ami 25-16000 éves (Richards és mtsi, 2000) és leggyakoribb a finnugor népeknél, így Észak-Európában, a Volga-Urál vidéken, és Nyugat-Szibériában. Az itt élő komiknál és manysiknál éri el a legnagyobb frekvenciát (24% és 16%) (Bermisheva és mtsi, 2002; Malyarchuk és mtsi, 2004).

Az U további szekvenciái főleg délen és keleten vannak jelen, de néhány ága Indiában jelentős (U2i, U7). Az U6 a berbereknél mutat nagy előfordulást, és még az Ibériai-félszigeten van jelen, máshol nem található meg (Richards és mtsi, 1998).

A **K** haplocsoport az U klaszter alcsoportját képezi. Kb. 16000 éve alakult ki. Átlagosan 7%-os a frekvenciája, de gyakoribb nyugaton (8%), mint keleten (5%) (Richards és mtsi, 1998).

A **J** és **T** testvér kládok, közös eredetük lehet a Közel-Keleten. A **J** haplocsoport a szekvenciák több mint 11%-át adja, legelterjedtebb a Kelet-Mediterrán vidéken (14,1%) Ennek a csoportnak több különböző őse lehetett Európában, akik az elmúlt 10000 évben érkezhettek a Közel-Keletről. Valószínű a neolitikus gazdaság elterjedésével párhuzamosan érkezett Európába. A J2 és J1b alhaplocsoportok a J\* főcsoporttal együtt a mediterrán partvidéken terjedt az atlanti vidékekre, míg a J1a szintén a J\* főcsoporttal Közép- és Észak-Európa felé. J1a főleg az Alpokban és Északközép-Európában van jelen, a J1b szintén a Közel-Keleten jellemző, de ritkán Dél-Ibériában is előfordul. Egy kis alcsoportja, a J1b1 majdnem csak Britanniában fordul elő, kis arányban esetleg az olaszoknál. A J2 törököknél, olaszoknál, Szardínián az Ibériai-félszigeten és Izlandon található meg (Richards és mtsi, 1998).

A **T** haplocsoport a szekvenciák 8%-át teszi ki. Kialakulása 46 500 évre tehető, de alcsoportjai a T1 és T2 ettől eltérő korúak, és más-más migrációs útvonalat jártak be, utalva arra, hogy különböző módon érkeztek Európába. Legnagyobb arányban a Közép-Mediterrán térségben van jelen (12%) (Richards és mtsi, 1998; Peričić és mtsi, 2005).

Az **N** makrohaplocsoport és közvetlen leszármazottjai (I, N1a, N1b, X, W) ritkán fordulnak elő, általában kevesebb, mint 5%-át teszik ki az európai szekvenciáknak.

Az **N1a** és **N1b** haplocsoport leginkább a Közel-Keleten elterjedt (3%), Európában viszont alig található meg. Az N1a egyes vonalai azonban megtalálhatók Ázsiában is (Haak és mtsi, 2005).

Az **I** klaszter kialakulása ~35000 évvel ezelőttre tehető, csupán 2%-a az európai szekvenciáknak, és főleg Észak- és Nyugat-Európában van jelen. A **W** csupán 1%-ot képvisel, sokkal fiatalabb, 18500 éves és sokkal diverzebb északon, mint délen. Az **X** klaszter szintén csak 2%-ban van jelen, kb. 24000 éves. A bennszülött amerikaiakban is kimutatható (Richards és mtsi, 1998).



#### 1.6.4. A mitokondriális DNS filogenetikai alkalmazásának kérdései

Bár a mtDNS jól alkalmazható egy sor kérdés tisztázására és alkalmazása igen széles körben elterjedt, mivel csak egyetlen lókuszt, és csak az anyai vonal történetére világít rá, pl. a lókuszt érő genetikai sodródás (véletlen) és a szelekciós hatások miatt nem biztos, hogy tükrözi az egész genom egész történetét (Hofreiter és mtsi, 2001). Ezért egyre nagyobb jelentőséget kapnak az Y-kromoszómális és nukleáris markerek vizsgálatai is. A molekuláris biológiai módszerek fejlődésével erre egyre nagyobb lehetőség lesz akár ásatag leletek esetében is, bár napjainkban egyelőre a magas kópiaszám miatt többnyire a mtDNS adatok nyújtanak betekintést egy-egy ősi populáció genetikai viszonyaiba.

A D-loop a rá jellemző magas mutációs ráta következtében igen gazdag variációkban, de éppen ebből adódóan magas a rekurrens (több ágon egymástól függetlenül megjelenő) mutációk száma tehát a *homoplázia* előfordulása. Finnilä és munkatársai (2001) kimutatták, hogy itt 31x magasabb a homopláziák frekvenciája, mint a kódoló régióban. Ezek jelentősen megnehezítik a filogenetikai analízist, mert a vonalak nem különíthetők el egyértelműen, filogenetikailag feloldhatatlan hálózatokat eredményeznek. Ezért érdemes a HVSI szekvenciája mellett a kódoló régióban található polimorfizmusokat is figyelembe venni. Mivel a teljes mtDNS szekvenálása igen idő és költségigényes, ráadásul archaikus minták esetében nem kivitelezhető, ezért a HVSI szekvencia és a kódoló régió RFLP analízise mutatkozik a legcélravezetőbbnek, hogy finomabb felbontásban vizsgálhassuk mtDNS filogenetikáját (Macaulay és mtsi, 1999b).

Néhány esetben a HVSI mutációs mintázat nem elegendő a haplocsoport megállapításához (pl. a H és U esetében). Ilyenkor szintén HVSII és kódoló régiós polimorfizmusok vizsgálatára van szükség. Így például a H és U haplocsoportok elkülönítése csak a 73 (HVSII) és 12308 (kódoló) pozíciók alapján lehetséges (Macaulay és mtsi, 1999b). A besorolás hitelességét veszélyeztetheti, ha kevés mutáció határozza meg a haplocsoportot. Ilyenkor igen veszélyesek pl. a PCR hibák, vagy ha a kis kópiaszámból adódóan a sérült bázisú molekula szaporodik fel. Ez szintén kiszűrhető, ha minél több mutáció alapján kategorizálunk.

A mtDNS-en alapuló evolúciós tanulmányoknak két megközelítése lehetséges. Az egyik a leszármazási vonal alapú, míg a másik a populáció alapú megközelítés. Az első eset a mtDNS vonalak történetének elemzését használja, míg a másik esetben az

egyes populációk, geográfiai régiók vagy populációk vándorlásának őstörténetét tanulmányozzák, ahol a vizsgálat alapegységét a populációs csoportok képezik, az adatokat pedig a populációgenetikai módszerek adják. A haplocsoportok rokon szekvenciák csoportjai, amelyeket bizonyos megegyező mutációk határoznak meg és amelyek regionális specificitást mutatnak. Mivel a haplocsoportok mtDNS-ek közös eredetére utalnak, így segítségül szolgálhatnak populációk keveredési arányának megbecsülésére olyan populációkban, amelyek ismert a vándorlási útvonala, vagy különböző földrajzi régióból származnak. A leszármazási vonal alapú megközelítés olyan szempontból problémás, hogy csak maguknak a haplocsoportoknak a történetét tükrözi, és nem enged betekintést az egyedi populációk történetébe, amik őket hordozzák. Pedig egy populáció több haplocsoportot tartalmaz, nem csak egyet, és egy haplocsoportnak a kora a vándorló populációban arra utal, hogy az adott haplocsoportot meghatározó mutáció mikor alakult ki, de nem arra, hogy a migráció mikor történt. Ezért a humán populációk őstörténetének tanulmányozásához elengedhetetlen a statisztikai módszerek alkalmazása, amelyek a populációk közötti rokonságokat vizsgálják, pl. úgy, hogy genetikai távolságokat számolnak és megjelenítik a populációs rokonsági viszonyokat fák vagy többdimenziós plotok formájában. Így a populációgenetikai kérdések tisztázásában mindkét megközelítésre (haplocsoport és populáció alapú) szükség van (Pakendorf és Stoneking, 2005).

Bár a HVSI régió szekvenciája nem mindig elegendő a haplocsoportba soroláshoz, de a magas mutációs rátája miatt elegendő polimorfizmussal rendelkezik a populációgenetikai analízisekhez (Pakendorf és Stoneking, 2005).

A történeti genetikai kérdésfeltevések legnagyobb problémája, hogy múltban történt eseményekre, folyamatokra próbálunk választ kapni recens adatok felhasználásával. Így azonban csak indirekt következtetéseket tudunk levonni a múltra vonatkozóan. Pillanatnyilag csak az aDNS alkalmas arra, hogy egy múltbeli állapotot híven tükrözzön. Ezeket az eredményeket azonban szintén csak a rendelkezésünkre álló recens szekvenciákkal tudjuk összehasonlítani, feltételezve hogy a haplocsoportok frekvenciája több száz vagy több ezer évvel ezelőtt hasonló frekvencia megoszlást és térbeli eloszlást mutatott. Ez azonban nyilvánvalóan nem valós, mert az idők során bizonyos vonalak eltűnhettek, mások meg csak később alakultak ki. Így bár az aDNS jelentős előrelépést jelent a múlt genetikai történetének megértéséhez, a legideálisabb az lenne, ha a múlt minél több idősíkjából nagy, a modern adatmennyiséggel összevethető mennyiségű szekvencia állna a rendelkezésünkre. Az aDNS munkák nehézségeit

ismerve ez persze nem egy reális elvárás, azonban minden ősi DNS szekvencia apró lépés ennek megvalósításához.

### **1.7. Az ásatag DNS**

Az intakt DNS létét emlős maradványokban 1984-ben bizonyították, amikor egy 140 éves, múzeumban őrzött kipusztult lófajta, a quagga bőréből rövid mitokondriális DNS szakaszt izoláltak. Nem sokkal később egy egyiptomi fiatalember 2400 éves múmiájából sikerült DNS-t izolálni. Az első aDNS-sel foglalkozó munkák bakteriális klónozást használtak, hogy az állati és humán múmiák bőréből nyert rövid szekvenciákat felsokszorozzák. Itt az is kiderült, hogy az archaikus mintákban túlélő genetikai anyag többnyire mikrobiális vagy gomba eredetű, és a valóban endogén DNS csak igen limitált mennyiségben, a többkópiás lókuszoknak nagyon rövid szakaszainak formájában maradt fenn.

Ezeknek az eseményeknek akkor lett nagy jelentősége, amikor 1985-ben Kary Mullis kidolgozta polimeráz láncreakció (PCR) technikáját. Az eljárás segítségével ugyanis mód nyílt eredetileg kis mennyiségű, akár egy kópiában fennmaradt DNS szakaszok felszaporítására és a keletkezett termék közvetlen szekvenálására. Egy idő után már nemcsak múzeumi mintákat használtak, hanem régebbi, régészeti leletekből, illetve barlangkutatók által talált mintákból is kimutattak DNS-t. Az évek során egyre több kihalt fajból sikerült DNS szekvenciát előállítani. Idővel egyre idősebb leleteket használtak. A PCR megjelenésével nem volt már határ, több millió éves szekvenciákat publikáltak (pl. Miocén növényi fosszília kloroplasztisz DNS, dinoszaurusz, borostyánkőbe zárt növények és rovarok). A PCR azonban sokkal érzékenyebb volt a modern DNS-sel való kontaminációra, illetve ennek egy nagyon veszélyes forrása is lett. Így a fals pozitív eredmény egy központi probléma lett az aDNS kutatásban. Ezzel párhuzamosan egy sor korábban, több millió éves organizmusokból előállított eredmény is hiteltelenné vált, mivel bebizonyosodott, hogy vagy humán avagy mikrobiális kontaminációról van szó. Mindenesetre független kísérletben nem voltak reprodukálhatók. Mai ismereteink szerint azonban 100000 év a DNS megtartás határa, de még a legoptimálisabb körülmények között is (alacsony hőmérséklet, száraz környezet), ami lassítja a DNS bontó biokémiai folyamatokat, 1 millió év a legfelső



határ, amíg még esély van arra, hogy a DNS túlélte a mintában. A konstans alacsony hőmérséklet központi szerepet játszik az aDNS molekula túlélése szempontjából.

Mindezek ellenére a DNS károsodások módjáról és sebességéről, a minták esetleges kontaminációjáról egyre bővülő ismeretek alapján megfelelő követelményszint alakult ki ahhoz, hogy az archaikus DNS egy külön tudományterületté váljon (Willerslev és Cooper, 2005).

### ***1.7.1. Régészeti genetika***

A recens minták tanulmányozása és feldolgozása csak indirekt bizonyítékokat szolgáltathat történelmi események, folyamatok feltárásában. Régmúlt korok eseményeiről, több ezer éve élt emberek történetéről akkor kaphatunk igazán információt, ha módunk van korabeli, archaikus leletekből származó DNS vizsgálatára. Őseink azonban nemcsak csontokat és egyéb tárgyakat hagytak ránk, hanem génjeiket is, mégpedig nemcsak örökített formában, hanem ténylegesen az ásatásokkal feltárt csontokban. Így mód van arra, hogy az archaikus DNS segítségével genetikai változásokat a valós időben rekonstruáljunk.

Az aDNS kutatások antropológiai és régészeti kérdések széles skálájánál használhatók. Az egyén szintjén a genetikai nem meghatározása az egyik fő lehetőség. Különösen nagy jelentősége lehet ennek abban az esetben, ha az ásatag csont minősége, fizikai állapota nem teszi lehetővé a nem antropológiai meghatározását, vagy csak fogak állnak a rendelkezésünkre, továbbá ha olyan fiatal, gyerek csontról van szó, amely antropológiai módszerrel nem meghatározható. Az egyes csont vagy fogmaradványok személyi beazonosítására szintén lehetőséget nyújt az aDNS vizsgálata. Harmadrészt bizonyos betegségek kimutatására is alkalmas lehet, vagy a betegséget okozó allél, vagy a fertőző ágens meghatározásával.

Családi szinten az anyai illetve az apai vonal azonosítható a mtDNS ill. az Y kromoszóma alapján. Ez azonban nem jelenti az anyaság és az apaság azonosítását, bár régészeti anyagoknál, egy temetőből vagy lelőhelyről származó minták esetén bizonyos esetekben valószínűsítheti a közvetlen rokoni kapcsolatot az esetleges egyezés. Ennek azonban az a feltétele, hogy minél hosszabb szakaszon, minél több, és egyedibb polimorfizmussal rendelkezzenek a vizsgált leletek. Közvetlen rokonsági kapcsolatok megállapításához nagyszámú és nagy variabilitású autoszómális marker elemzése

szükséges. Az uniparentálisan öröklődő markerek azonban alkalmasak arra, hogy régészeti anyagok felhasználásával a közösségre jellemző szociális struktúrára, házasodási mintázatokra ill. a temetkezési szokásokra vonatkozó hipotéziseket tanulmányozzák, amelyre a régészet és az antropológia csak közvetett hipotéziseket tud felállítani a temetkezési mintázatok, vagy a morfológiai hasonlóságok alapján. Ugyanez igaz a lokális közösségekre is, amelyeket gyakran csak egy vagy néhány család alkot. Itt az anyai vagy apai vonalak variabilitása és mintázata utalhat még az adott közösség patriarchális avagy matriarchális jellegére. Emellett az esetleges betelepedett egyének is azonosíthatók.

Ha megfelelő mintaszám áll rendelkezésünkre, populációk vándorlása, akár nagyobb léptékű mozgása is feltérképezhető, amelyekből múltban bekövetkezett népességmozgásokra, sőt egyes földrajzi területek benépesedésére is következtethetünk. Gyakran a populációs mozgásokkal magyarázzák a materiális kultúrák gyors változását. Ez a magyarázat tesztelhető a molekuláris technikák segítségével, amelyben feldolgozható a változás előtti és utáni populációk maradványainak genetikai mintázata. Rekonstruálhatunk leszármazási kapcsolatokat populációk között, illetve mód nyílik arra, hogy tisztázzunk egy bizonyos anyagi kultúra különböző szintjeihez tartozó ősi populációk közötti rokonsági mintázatokat. A populáció szintű elemzéseket azonban nagymértékben befolyásolhatja a feldolgozott mintaszám.

Mindenképpen elmondható, hogy a régészeti genetika az utóbbi két évtizedben egy önálló tudományterületté fejlődött, amely kiegészítheti, és új megvilágításba helyezheti az antropológiai, régészeti eredményeket (Kaestle és Horsburgh, 2002).

### ***1.7.2. Az ásatag DNS tulajdonságai***

A halál után a DNS-t a sejt saját enzimei, az endogén nukleázok hamar elkezdik lebontani. Emellett rögtön ki van téve a baktériumok, gombák és rovarok hatásának, amelyek gyorsan megeszik és degradálják a DNS-t. Bizonyos ritka körülmények között, ha pl. a szövet halál után gyorsan kiszárad, vagy kötődik egy ásványi mátrixhoz, akkor megmenekülhet az enzimatis és mikrobiális degradáció elől. Ilyen esetekben azonban lassú kémiai folyamatok kezdenek hatni a DNS-re, amelyek hasonlóak vagy azonosak, mint az élő sejtben, de itt már nem működnek a reparációs folyamatok, így az idők folyamán spontán hidrolízis és oxidáció során létrejött károsodásokat nincs mi

korrigálja. Ennek következtében a károsodások felhalmozódnak, és a DNS elveszti integritását, lebomlik, ami a szekvenciában tárolt információ irreverzibilis elvesztésével jár (Pääbo és mtsi, 2004).

A nukleinsavak poszt-mortem instabilitása az aDNS kutatás központi módszertani problémája. Ennek következtében az ősi mintákban vagy nincs jelen amplifikálható endogén DNS molekula vagy csak nagyon töredezett, 100-500 bp-os darabok formájában. A poszt-mortem DNS romlás száltörések, bázisvesztések, módosult bázisok és keresztkötések formájában jelenik meg, amely egyrészt téves szekvenciákat eredményez, másrészt a nem sérült, kontamináns DNS amplifikációját segíti elő (Willerslev és Cooper, 2005).

### ***1.7.3. Az ásatag DNS módosulásai és ennek következményei***

#### ***A.) egyes száltörést okozó károsodások***

Ez részben az enzimatisz folyamatok eredménye, amely nem sokkal a halál után következik be, valamint a cukor-foszfát lánc foszfodiészter kötéseinek nem enzimatisz hasadása, amelyek egyszálú nickeket eredményeznek. A cukor-foszfát lánc és a bázis közötti glikozidos kötés szintén egy lehetséges célpontja a hidrolitikus hasításnak, ami abázisos helyhez vezet (5. ábra). Az abázisos helyek kémiai átrendeződésével száltörés alakulhat ki (Pääbo és mtsi, 2004). Mindezek következtében, rövid és/vagy kis mennyiségű templát van jelen, amely részben rövid PCR terméket eredményez, másrészt elősegíti a kontamináns molekula amplifikációját. A száltöréseket tartják legnagyobb mértékben felelősnek az archaikus leletek esetén tapasztalható rövid templátokért és a nagyarányú DNS vesztésért (Willerslev és Cooper, 2005).

#### ***B.) keresztkötéseket okozó károsodások***

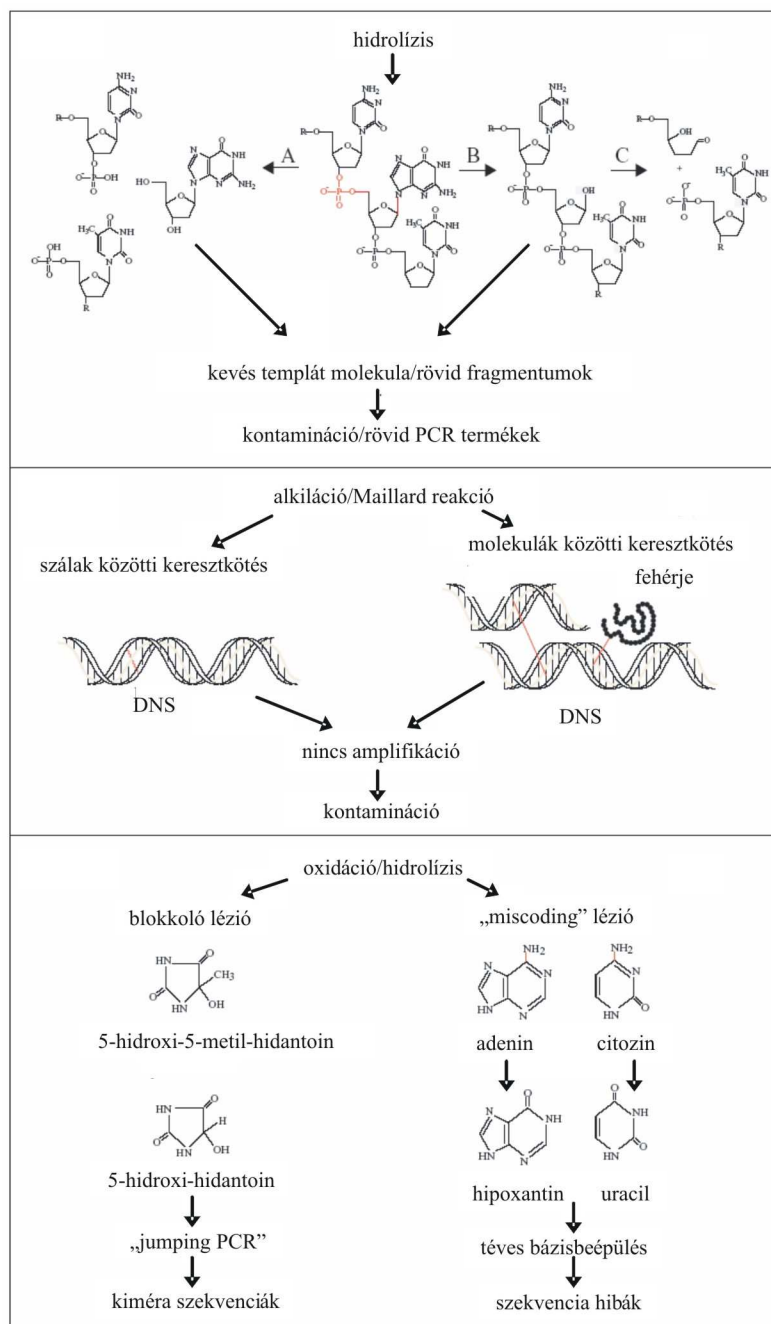
Egyrészt a szálak között alkiláció következtében kialakult keresztkötések, másrészt a DNS molekulák más biomolekulákkal való reakciója során keletkeznek. Ez utóbbinak eredménye pl. a Maillard termék, ami cukrok vagy proteinek, ill. nukleinsavak kondenzációs terméke. A keresztkötések blokkolják a PCR reakciót, így akadályozva az amúgy jelenlévő archaikus templát amplifikálását, és elősegítve a már előbb említett kontamináns molekulák előtérbe kerülését (Willerslev és Cooper, 2005).

### C.) a bázisok oxidatív és hidrolitikus módosulásai

Ezek részben blokkoló léziókat, másrészt téves bázisbeépülést okoznak. Az első esetben a polimeráz enzim megakad a sérült helyen, esetleg egy másik szálra ugrik át (jumping PCR), melynek eredményeként kiméra szekvenciát kaphatunk. Az oxidációs folyamatok bázis léziókat okoznak, amelyek gátolják a polimerázt az elongációban. Az ilyen folyamatokat többnyire szabadgyökök indukálják, mint a peroxid gyök ( $\cdot\text{O}_2$ ), hidrogénperoxid ( $\text{H}_2\text{O}_2$ ), vagy a hidroxigyök ( $\cdot\text{OH}$ ), amelyeket többnyire a háttérsugárzás okoz. Ezek gyakori célpontjai a purin és pirimidin gyűrűk kettős kötése, eredménye pedig a gyűrű felbomlása, vagy a dezoxiribóz maradék kötése, ami a cukorgyűrű bomlásához vezet. Igen gyakoriak az aDNS-ben az oxidált bázisok (pl. 5-hidroxi-hidantoin, 5-hidroxi-5-metil-hidantoin), ami szintén blokkolja a polimeráz működését (Pääbo és mtsi, 2004).

A hidrolízis okozta bázismódosulások viszont téves bázisbeépülést eredményeznek a PCR során, mely megtévesztő a végső értékelés szempontjából. Az aminos csoportok hidrolitikus elvesztése az adeninről, citozinról, 5-metilcitozinról és guaninról, hipoxantin, uracil, timin és xantin keletkezéséhez vezet. Az első három módosulás igen veszélyes, mert az újonnan képződött DNS szálon téves bázisbeépüléshez vezet, amely a keletkezett szekvenciában konzistens bázismódosulásként jelenik meg (Pääbo és mtsi, 2004). A legnagyobb arányban a C-T és G-A csere fordul elő az ősi mintákban (Gilbert és mtsi, 2003a). A leggyakrabban a CG  $\rightarrow$  TA esemény figyelhető meg, melynek oka a citozin igen magas hidrolitikus dezaminációs rátája uracillá, melyet követően timin épül be a PCR során (Willerslev és Cooper, 2005).

A helyzetet még inkább súlyosbítja az a tény, hogy ezek a spontán bázismódosulások nem véletlenszerűen oszlanak meg a mtDNS genomban, hanem „forró pontokban” koncentrálnak. Ezek a forró pozíciók ráadásul egybeesnek az evolúciós hot spotokkal, ami azt jelenti, hogy ezek gyakran olyan mintázatokat eredményeznek, amik evolúciós változásokat imitálnak (Gilbert és mtsi, 2003b) (1. táblázat).



**5. ábra** Az ásatag DNS-t károsító poszt-mortem módosulások (Willerslev és Cooper, 2005 alapján).

Bár a DNS fennmaradhat többféle szövetben (csont, fog, lágy szövetek, haj), ásatag leletekből a csont és a fog bizonyult a legalkalmasabbnak az aDNS kinyerésére (Kalmár és mtsi, 2000). Az aDNS mennyisége és minősége elsősorban nem a lelet fekvési idejétől, hanem a régészeti lelőhely környezeti, időjárási és talajviszonyaitól függ, mivel ezek befolyásolják a károsító tényezőket. A hideg, száraz idő kedvez a DNS megmaradásának. Kedvező körülmények között (fiziológiai só koncentráció, semleges

pH, és kb. 15°C) körülbelül 100000 év alatt semmisül meg a DNS. Bizonyos körülmények, mint pl. alacsony hőmérséklet, hosszabbíthatják ezt az időt, de minden körülményt figyelembe véve 1 millió évnél idősebb leletből DNS-t kinyerni nem lehetséges. Az ilyen eredményekről szóló publikációk hibás, vagy utólag nem reprodukált eredményekből születtek (Hofreiter és mtsi, 2001).

A csont DNS megtartására, DNS kinyerés valószínűségére bizonyos határok között következtethetünk a csont morfológiai tulajdonságaiból, keménységéből, állagából. Minél keményebb, kalcifikálódott a fog vagy csont, annál nagyobb a valószínűsége, hogy DNS található benne, mivel a DNS a hidroxipatitához kötődve marad fenn.

A módosulások mellett a talajból származó PCR gátlók is nehezíthetik a feldolgozást. Ezek részben a temetkezési hely környezetéből származnak, mint a humusz savak, fulvo sav, hidroxipatit, tannin, de a biológiai anyag degradálódás során is keletkezhetnek. Csontok esetében az I-es típusú kollagén és a Maillard termék kerül szóba, mint fő inhibitor.

A károsodás típusa	A károsodást okozó folyamat	A DNS-re gyakorolt hatása	A hatás lehetséges kezelése
száلتörés	mikroorganizmusok általi degradáció nukleázok az elpusztult sejtekben más kémiai folyamatok	a DNS mennyiségének csökkenése méretcsökkenés (töredezettség)	rövid, egymással átfedő fragmentumok amplifikációja
DNS keresztkötések	A DNS molekulák egymás közötti, illetve pl. Maillard termék más biomolekulákkal képzett reakciója		PTB (N-fenilacil tiazolium bromid) kezelés
hidrolitikus léziók	aminocsoport veszteség: adenin $\Rightarrow$ hipoxantin citozin $\Rightarrow$ uracil 5-metil-citozin $\Rightarrow$ timin guanin $\Rightarrow$ xantin	genetikai kód megváltozása	több, független PCR klónozás és a klónok szekvenálása
oxidatív léziók	bázis sérülések deoxiribóz maradék sérülése	bázis törés cukorlánc törés nukleotid módosulás	rövid, egymással átfedő fragmentumok amplifikációja több, független PCR klónozás és a klónok szekvenálása

**1. táblázat** Az ásatag DNS-t ért károsodások következményei és esetleges detektálásuk lehetősége (Pääbo és mtsi, 2004 alapján).

## 1.8. Az eredmények hitelessége

Bár az aDNS számos új lehetőséget és távlatot nyit a tudományban, azonban rengeteg metodikai jellegű veszélyt is rejt magában az aDNS-sel való munka. Ezek miatt az archeológiai és paleontológiai leletekből történő DNS kinyerés közel sem tekinthető rutin feladatnak. A DNS károsodások módjáról és sebességéről, a minták esetleges kontaminációjáról egyre bővülő ismeretek alapján egy általános szabályrendszer alakult ki s ez lehetővé tette, hogy az archaikus DNS egy külön tudományterület lehessen.

Az előzőekben említett okok miatt az archaikus leletek gyakran nem tartalmaznak kimutatható mennyiségű vagy minőségű DNS-t, vagy csak igen kis mennyiségben és rossz minőségben. Emellett, főleg a humán minták esetében jelentős az exogén DNS-sel történő kontamináció veszélye is. Úgy tűnik, hogy a csont és a dentin porozitása a fő útja az exogén DNS kontaminációnak, mely az izzadságból, leheletből és a bőrről származhat. Így fontos, hogy már az ásatás is megfelelő védőfelszerelésben történjen, és minél kevesebb ember érintkezzen a feldolgozásra szánt leletekkel. Érdekes, hogy ebből a szempontból a haj sokkal alkalmasabb lenne az ősi DNS munkákra, mivel kevésbé fogékony a kontaminációra, mint a csont vagy a fog.

Így az eredmények hitelessége érdekében az aDNS feldolgozása egy szigorúan szabályozott folyamat kell legyen az ásatástól egészen az eredmények értékeléséig. Van néhány kritérium, aminek betartása elengedhetetlen az archaikus DNS alapján kapott eredmények hitelessége érdekében (Willerslev és Cooper, 2005):

- *megfelelően izolált pre-PCR körülmények:* az izolációs folyamat és a PCR összeállítása egy modern DNS mentes közegben kell történjen, a pre- és poszt-PCR fázis egymástól szigorúan szeparált laboratóriumi helyiségekben zajlik, mivel mikroszkópikus aeroszol cseppek templátok millióit tartalmazhatják, amik akár egy Eppendorf nyitással a légtérbe kerülnek. Ez még inkább igaz a modern DNS molekulákra, amik jóval nagyobb koncentrációban vannak jelen a környezetben. A pre-PCR laboratóriumok légterét is UV sugárzással DNS mentesítjük, illetve ajánlatos magasabb levegőnyomást alkalmazni, hogy a molekulák áramlása egyirányú legyen.
- *negatív kontrollok használata minden lépésnél:* extrakció, izolálás, PCR

- *reprodukálhatóság bizonyítása független kísérletben*: egyik legfontosabb kitétel, ha lehet, független laboratóriumban, de mindenképpen külön kísérletben
- *klónozás és szekvenálás a DNS károsodások, ill. kontamináció kimutatása érdekében*: fontos, hogy a bázismódosulásokat ki tudjuk szűrni az ősi szekvenciákban, mert ezek igen megnehezíthetik a szekvencia értelmezését. Ilyen módosulások keletkezhetnek a Taq polimeráz hibájából, de okozhatja az aDNS templátban megtalálható károsodás is. Ennek érdekében fontos, hogy több amplifikációt végezzünk egy archaikus mintából, másrészt, hogy a kapott PCR termékeket klónozzuk.
- *a minták és eszközök dekontaminálása*: a munkafelületeket, munkaeszközöket hipó és UV kezelésnek vetjük alá, illetve az erre alkalmas eszközöket és oldatokat autoklávban DNS mentesítjük. A modern DNS nem tüntethető el UV és hipó nélkül. A munka során védőruházat alkalmazása is kötelező (köpeny, hajháló, szájmazsk, kesztyű).
- *DNS izolálás kísérő leletekből (állat, növény)*: ajánlott, mivel információval szolgál a lelőhelyről kinyerhető DNS minőségéről és a lelőhely körülményeiről
- *a kinyert DNS molekuláris tulajdonságainak vizsgálata*: az amplifikálható DNS hossza (mtDNS) és a hitelesség, ill. a kópiaszámok (nDNS, Y kromoszóma) és a kapott eredmények közötti kapcsolat vizsgálata. Fordított arányosság figyelhető meg ugyanis az amplikon hossza és az amplifikáció sikeressége között. Általában archaikus mintákból max. 200-300 bp amplifikálható.
- *uracil-N-glikoziláz (UNG) kezelés*: eltünteti az uracil bázisokat, amik a citozin dezaminációja során keletkeztek, így nem amplifikálható a sérült archaikus templát.
- *kiindulási templátmennyiség meghatározása*: a kapott szekvencia szubsztitúciós eltéréseinek értelmezésénél lehet jelentősége. 1000 templátmolekulánál kevesebb kiindulási mennyiség bizonytalanná teszi az eredményt, mert a károsodott aDNS templát fog dominálni a végső szekvenciában. Emellett ekkora mennyiség nehezen reprodukálható.



## 2. Célkitűzések

Az uráli nyelvet beszélő népeknek a szomszédos indoeurópai populációkhoz való genetikai viszonya igen összetett és mai napig nem teljesen tisztázott. Előzetes tanulmányok utalnak arra, hogy a modern magyar génkészlet jelentős európai jelleget mutat. A jelen dolgozat célja első sorban a 10-11. századi Kárpát-medence lakosságának mitokondriális alapú (anyai vonalú) genetikai feltérképezése volt. Arra kerestük a választ, hogy mennyire volt egységes a honfoglaló magyarság hazánk területére érkezésekor, továbbá milyen arányban tartalmazott európai, illetve esetleg az őshazából származó ázsiai genetikai elemeket.

A honfoglalás kori minták mellett a mai magyar nyelvű populációk genetikai analízisét is elvégeztük (anyaországi magyar, székely, gyimesi és moldvai csángó). Itt azt vizsgáltuk, hogy kimutatható-e genetikai folytonosság a honfoglalás kori és a mai magyar nyelvű populációk között, másrészt hogy a nyelvi izoláció mennyiben jelent genetikai izolációt a szomszédos, indoeurópai nyelvet beszélő népcsoportoktól. Az általunk vizsgált magyar nyelvű populációkat más európai és ázsiai népcsoportokkal, köztük a nyelvrokonoknak tekintett finnugor népekkel is összehasonlítva kerestük, hogy mely népekkel lehetnek a legközelebbi genetikai rokonságban, s hogy a finnugorokkal kimutatható-e valamilyen közelebbi genetikai kapcsolat.

A székelyek és főleg a csángók hosszú ideje elszigetelten élnek az anyaországi magyarságtól. Kérdésünk volt az is, hogy ez az elszigeteltség mennyire mutatkozik meg a genetikai állományukban, és esetleg az ebből adódó archaikusabb elemek kimutathatók-e ezeknél a populációknál, illetve a honfoglaló populációhoz való genetikai viszonyuknál.

### 3. Anyagok és módszerek

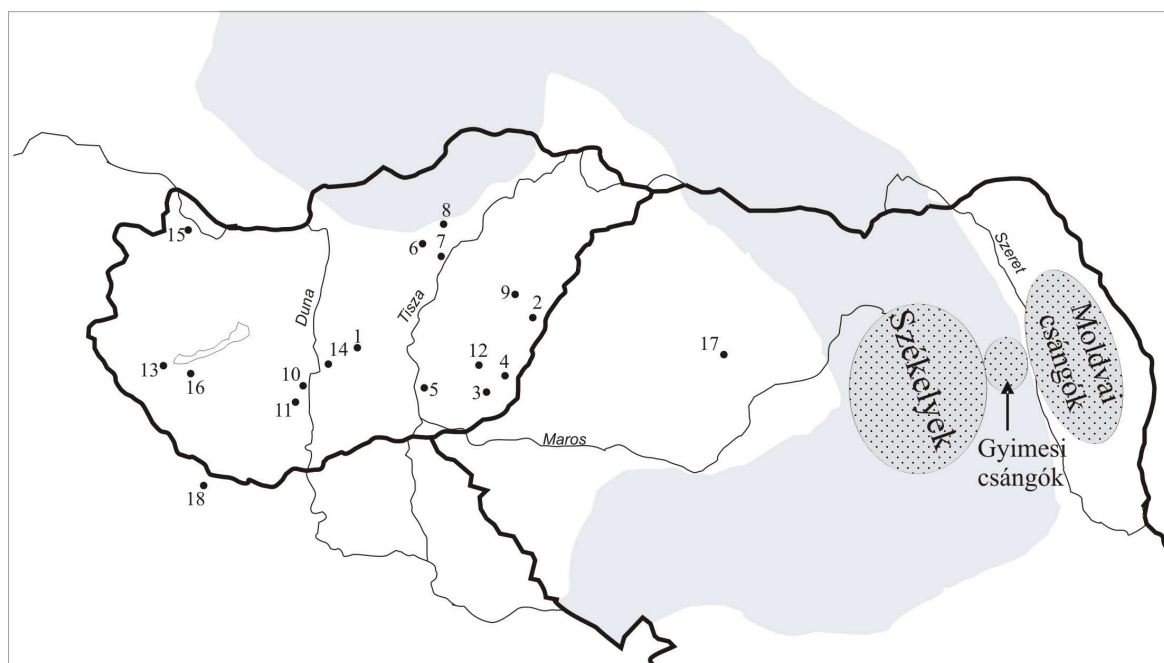
#### 3.1. Mintavétel

##### 3.1.1. *Recens minták*

A recens minták analízisére szolgáló DNS-t hairszálakból nyertük. A mintákat Magyarország és a Székelyföld különböző területeiről, illetve különböző gyimesi és moldvai falvakból származó, anyai ágon nem rokon személyektől gyűjtöttük (6. ábra).

##### 3.1.2. *Archaikus minták*

A honfoglalás kori populáció analízisét ásatag csontmintákból nyert aDNS felhasználásával végeztük. A csontminták Magyarország különböző régióiban feltárt 10-11. századi temetőkből kerültek elő. A csontleletek régészek által jól meghatározott és régészetileg datált lelőhelyekről származtak (2. táblázat).



**6. ábra** A régészeti lelőhelyek földrajzi elhelyezkedése, ahonnan az archaikus csontminták származnak, illetve a székelyek és csángók lakhelye. A számok feloldása a 2. táblázatban található.

Minta	Származási hely	Sírszám	Becsült kor
anc1	Izsák-Balázspusztá (1)	1. sír	10. sz. közepe
anc2	Magyarhomoróg (2)	120. sír	10. sz. közepe
anc3	Orosháza-Görbics tanya (3)	2. sír	10. század
anc4	Szabadkígyós-Pálliget (4)	7. sír	10. sz. közepe
anc5	Szegvár-Oromdűlő (5)	412. sír	11. sz. eleje
anc6	Szegvár-Oromdűlő	593. sír	11. sz. vége
anc7	Aldebrő-Mocsáros (6)	25. sír	10. sz. vége
anc8	Besenyőtelek-Szörhát (7)	1. sír	10. század
anc9	Eger-Szépasszonyvölgy (8)	4. sír	10. század
anc10	Sárrétudvar-Hízóföld (9)	5. sír	10. sz. vége
anc11	Sárrétudvar-Hízóföld	9. sír	10. sz. vége
anc12	Sárrétudvar-Hízóföld	118. sír	10. sz. közepe
anc13	Sárrétudvar-Hízóföld	213. sír	10. sz. eleje
anc14	Fadd-Jegeshegy (10)	62. sír	10. sz. vége
anc15	Fadd-Jegeshegy	63. sír	10. sz. vége-11. sz. eleje
anc16	Fadd-Jegeshegy	74. sír	10. sz. vége-11. sz. eleje
anc27	Fadd-Jegeshegy	78. sír	10. sz. vége-11. sz. eleje
anc17	Fadd-Jegeshegy	88. sír	10.-11. század
anc18	Mözs-Szárazdomb (11)	2. sír	10. sz. közepe
anc19	Mözs-Szárazdomb	41. sír	10. sz. közepe
anc20	Mözs-Szárazdomb	60. sír	10. sz. közepe
anc21	Örménykút (12)	3/c sír	10. sz. vége
anc22	Örménykút	8. sír	10. sz. vége
anc23	Örménykút	12. sír	10. sz. vége
anc24	Zalavár-Kápolna (13)	270. sír	11.-12. század
anc25	Harta-Freifelt (14)	10. sír	10. sz. eleje
85B	Harta-Freifelt	13. sír	10. sz. eleje
86B	Harta-Freifelt	18. sír	10. sz. eleje
anc26	Lébény-Kaszás (15)	80. sír	11. század
5B	Balatonújlak-Erdődűlő (16)	8. sír	10. század
8B	Balatonújlak-Erdődűlő	2. sír	10. század
12B	Balatonújlak-Erdődűlő	14. sír	10. század
16B	Kolozsvár-Zápolya u. (17)	18. sír	10. század
17B	Kolozsvár-Zápolya u.	51. sír	10. század
89B	Zvonimirovo (18)	28. sír	10. sz. vége-11. sz. eleje
91B	Zvonimirovo	30. sír	10. sz. vége-11. sz. eleje
92B	Zvonimirovo	31. sír	10. sz. vége-11. sz. eleje
94B	Zvonimirovo	33. sír	10. sz. vége-11. sz. eleje

**2. táblázat** A feldolgozott ásatag csontminták adatai. A számok zárójelben a 6. ábrán található lelőhelyeket azonosítják.

### **3.2. A DNS kinyerése**

#### **3.2.1. Modern DNS**

A ma élő magyar, székely illetve csángó személyek hajmintáiból Chelex felhasználásával nyertünk DNS-t. Az általunk is használt módszert Walsh és munkatársai (1991) dolgozták ki, mely a következő protokoll alapján működik:

1. A hajszálat deionizált vízzel jól lemossuk.
2. Kb. 1 cm-es darabot vágunk a hajszálból úgy, hogy az a hajhagymát is tartalmazza.
3. Egy 1,5 ml-es Eppendorf csőben 200 µl 5%-os Chelex oldatot mérünk a hajmintához.
4. A mintát 56°C-on legalább 5-6 órát, vagy akár overnight inkubáljuk.
5. 5-10 másodpercig magas sebességgel vortexeljük.
6. 8 percig forraljuk úgy, hogy a hajszál teljesen fedve legyen a Chelex-szel.
7. 5-10 másodpercig magas sebességgel vortexeljük.
8. 2-3 másodpercig 12-13000 x g-n centrifugáljuk.
9. A felülúszó tartalmazza a DNS-t, így ez használható a PCR-hez.

#### **3.2.2. Archaikus DNS**

##### **3.2.2.1. A minták porítása**

A munkánkhoz DNS forrásnak minden esetben csöves csontokat használtunk. A csont felületét hipóval lemostuk, majd UV besugárzást követően az epifízis egy kb. 2x3 cm-es darabján a csont felületét csiszolókoronggal 2-3 mm mélyen eltávolítottuk. Mivel az epifízis a növekedési szakasz, itt találhatók legnagyobb valószínűséggel fiatal, DNS tartalmú sejtek. Ismételt UV besugárzást követően a lecsiszolt felület több pontjából kézi fúró segítségével nyertünk csontport. A kapott port steril csőben gyűjtöttük.

A későbbiekben golyós őrlőmalom (Retsch MM301) segítségével nyertünk csontport. Egy 2x3 cm csontpalástot fűrészeltünk ki a csontból. Ennek a felületét lehipóztuk, majd egy csiszolófejjel a csontdarab teljes felületét 2-3 mm mélyen eltávolítottuk. Ezt követően a csontdarabot minden oldalról UV besugárzásnak vetettük alá, majd a golyós malomban porrá zúztuk. A csontport steril csőben +4°C-on tároltuk.

Természetesen az összes műveletnél a Kontamináció megelőzése c. fejezetben (3.7.) leírtak alapján jártunk el.

#### 3.2.2.2. DNS extrakció

##### Dekalcifikálás

1. Kb. 200 mg csontport 1-1 ml EDTA-val (0,5 M; pH 7,5) jól átmossuk 37°C-on forgatva.
2. Az EDTA-t 3-5 napig naponta frissre cseréljük a mintán.
3. Végül 15 percig 2000 x g-vel centrifugáljuk, és a felülúszót eltávolítjuk.
4. Az üledéket használjuk a további extrakcióhoz.

##### Kis mennyiségű csontporból kiindulva

1. Kb. 200 mg csontporhoz vagy a dekalifikált üledékhez 1,6 ml extrakciós puffert mérünk (0,1 M EDTA, 0,5% N-laurilszarkozin Na sója valamint 100 µg/ml proteináz K).
2. A puffert a csontporral jól összekeverjük, majd folyamatos vertikális forgatás közben 37°C-on overnight inkubáljuk.
3. Ezt követően 10 percig 12000 rpm-en szobahőmérsékleten centrifugáljuk.
4. A felülúszó tartalmazza a DNS-t (csontextraktum), mely -20°C-on tárolható.

##### Nagy mennyiségű csontporból kiindulva

1. Kb. 1,3-1,5 g csontporhoz egy 15 ml-es centrifuga csőben 10 ml EDTA-t mérünk, mellyel 37°C-on overnight fogatva jól átmossuk.
2. Az EDTA-t 3-5 napig minden nap, centrifugálást követően (15 perc, 2000 x g) frissre cseréljük.
3. Az EDTA-val dekalifikált üledékhez 1,8 ml extrakciós puffert mérünk, majd folyamatos vertikális forgatás közben 37°C-on overnight inkubáljuk.
4. Ezt követően 10 percig 12000 rpm-en szobahőmérsékleten centrifugáljuk.
5. A felülúszó tartalmazza a DNS-t, mely -20°C-on tárolható.

### 3.2.2.3. DNS izolálás

#### Dextrán Blue módszer (Kalmár és mtsi, 2000)

1. 350 µl csontextraktumhoz 350 µl 4 M ammónium-acetátot, 700 µl abszolút etanolt és 3,5 µl Dextrán Blue oldatot (1 µg/µl, Sigma) mérünk és óvatosan forgatva összekeverjük (nem voltexeljük!).
2. 7 percig -70°C-on vagy 3-4 óráig, esetleg overnight -20°C-on inkubáljuk.
3. 4°C-on 14000 rpm-en 15 percig centrifugáljuk.
4. A felülúszót óvatosan eltávolítjuk, majd a csapadékot levegőn beszárítjuk.
5. A végén 30 µl desztillált vízben felvesszük, és -20°C-on tároljuk.

#### DNeasy Blood & Tissue Kit és QIAmp DNA Mini Kit (mindkettő Qiagen)

A felhasználói protokollhoz képest egy általunk módosított protokollt használtunk. A DNS extrakciót az előzőekben leírtak alapján végeztük el.

1. 350 µl csontextraktumhoz 350 µl 4 M ammónium-acetátot, 700 µl abszolút etanolt mérünk, és óvatosan forgatva összekeverjük (nem voltexeljük!).
2. 7 percig -70°C-on vagy 3-4 óráig, esetleg overnight -20°C-on inkubáljuk.
3. Az elegyet centrifugálással (1 perc, 6500 rpm) átszűrjük a filteren.
4. A filtert mossuk 500 µl AW1 (1 perc, 6500 rpm), majd 500 µl AW2 pufferrel (1perc, 6500 rpm).
5. A filtert 2 perc, 13000 rpm centrifugálással beszárítjuk.
6. 15 µl elúciós puffert (AE) vagy deionizált vizet mérünk a filter felületére. 4-5 percig állni hagyjuk, hogy a DNS feloldódjon majd 1 percig, 6500 rpm-en lecentrifugáljuk.
7. Ismét rámérünk 15 µl elúciós puffert (AE) vagy deionizált vizet, majd 2 perc állás után nagy sebességgel lecentrifugáljuk (2 perc, 13000 rpm).
8. A kapott DNS oldatot -20°C-on tároljuk.

#### GENECLEAN for Ancient DNA Kit (Qbiogene)

1. Az előzőekben leírt extrakciós protokollból származó extrahált csontporhoz (üledék) hozzámértünk 400 µl csontextraktumot, illetve 1ml *Dehybernation A* oldatot, majd vertikális forgatás közben inkubáljuk overnight 45°C-on.

A továbbiakban a gyárilag megadott protokollt követtük, mely szerint:

2. Magas fordulatszámon centrifugáljuk (5 perc), felülúszót áttesszük új csőbe. Hozzáadunk 300 µl *Ancient DNA Glassmilk*et és inkubáljuk szoba hőn 10-30 percig forgatás mellett.
3. A szuszpenziót áttesszük egy *SPIN Filterre*, centrifugáljuk (1 perc, 14000 x g), míg átfolyik minden. A gyűjtőtubust, ha szükséges kiürítjük.
4. Hozzáadunk 500 µl *Salton Wash #1*-et, centrifugáljuk (14000 x g), míg a *Glassmilk/DNS* komplex feltisztul.
5. Hozzáadunk 500 µl *Salton Wash #2*-t, centrifugáljuk (14000 x g), míg a *Glassmilk/DNS* komplex feltisztul.
6. Hozzáadunk 500 µl *Ancient DNA Alcohol Washt*, és centrifugáljuk, míg a filter száraz nem lesz. Ezt megismételjük.
7. Kiürítjük a gyűjtőtubust és centrifugáljuk 2 percig, hogy a *Glassmilk* a filteren száraz legyen.
8. Áttesszük a filtert egy új csőbe, hozzáadunk 50-100 µl *Elution Solution*ot. A pelletet felszuszpendáljuk, vagy rövid ideig vortexeljük (1-2 mp).
9. Centrifugáljuk (1 perc), míg az eluátum átmegy. A filtert eldobjuk.
10. A DNS használatra kész.

#### GENECLEAN for Ancient DNA Kit, felhasználói protokoll

A csontporra közvetlenül mérünk 1ml *Dehybernation A* puffert, majd overnight vertikálisan forgatjuk 45°C-on.

1. Centrifugáljuk (14000 x g 1perc).
2. Áttesszük a felülúszót és hozzáadunk 1,2 ml *Ancient DNA Glassmilk*et és 3 ml *Dehybernation A* oldatot. Forgatjuk 2 órán át 35-40°C-on.
3. Centrifugáljuk (1 perc, 14000 x g), majd a felülúszót eldobjuk.
4. 500 µl *Salton Wash #1*-ben felszuszpendáljuk a pelletet, és áttesszük egy spin filterre.
5. Centrifugáljuk (1 perc, 14000 x g), majd a felülúszót eldobjuk.
6. Hozzáadunk 500 µl *Salton Wash #2*-t, centrifugáljuk (14000 x g 1 perc), míg a *Glassmilk/DNS* komplex feltisztul.
7. Hozzáadunk 500 µl *Ancient DNA Alcohol Washt*, és centrifugáljuk (14000 x g 1perc).
8. Ezt megismételjük.

9. Vesszünk egy tiszta gyűjtőtubust és centrifugáljuk 14000 x g 2 percig, hogy a Glassmilk a filteren száraz legyen.
10. Átesszük a filtert gyári gyűjtőcsőbe, hozzáadunk 50-100 µl *Elution Solution*-t. A pelletet felszuszpendáljuk, vagy rövid ideig vortexeljük (1-2 mp).
11. Centrifugáljuk (1 perc), míg az eluátum átmegy. A filtert eldobjuk.
12. A DNS használatra kész.

### 3.3. Az izolált DNS amplifikációja

#### 3.3.1. A PCR reakció

A PCR elegy összetétele a következő volt: 8 µl csontextraktum vagy 5 µl modern DNS izolátum, 1,5 U AmpliTaq Gold DNA polimeráz (Applied Biosystems), 200 µM mindegyik dNTP-ből (Fermentas), 25 pmol mindkét primerből, 1x reakciópuffer, 4 µl 3mM-os MgCl<sub>2</sub> és 1 µl BSA (4 mg/ml) mindez 40 µl végtérfogatra.

A PCR program a következő lépésekből állt:

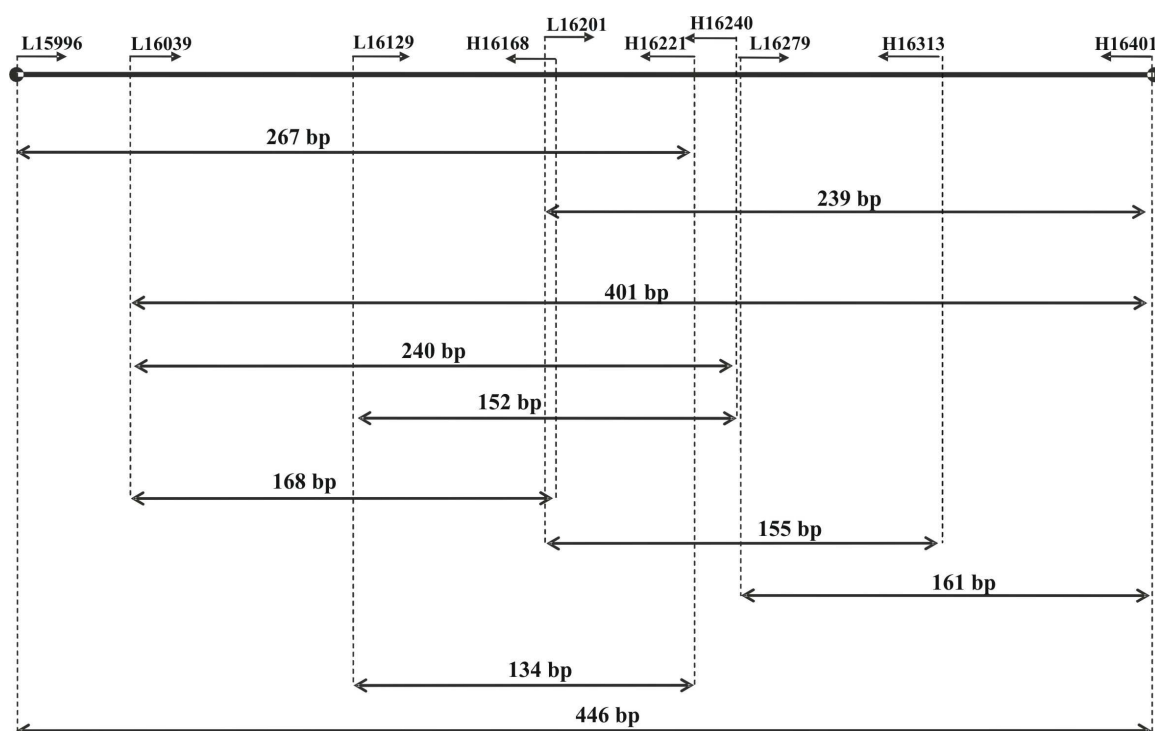
94°C	6 perc	}	38 ciklus
93°C	30 másodperc		
56°C	1 perc		
72°C	40 másodperc		
72°C	5perc		

Az amplifikáció sikerességét 8%-os poliakrilamid gélen etidium-bromid festéssel ellenőriztük.

#### 3.3.2. A mitokondriális DNS HVSI régiójának analízise

Először minden minta esetében az mtDNS hipervariabilis I régió számunkra leginformatívabb 401 bp-os szakaszát próbáltuk kimutatni. A hajból izolált modern DNS-ből egy darabban, egy primerpárral (L16024/H16401) könnyen amplifikálható. Több száz éves, töredezett és sérült archaikus DNS esetében azonban ezt a hosszúságot elég reménytelen felszokszorozni, így több rövidebb, egymással részlegesen átfedő





7. ábra A HVSI régió összeállításához használt részekvenciák.

Név	Hossz	Szekvencia
L15996	22	5'-CTC CAC CAT TAG CAC CCA AAG C-3'
L16039	20	5'-TCT GTT CTT TCA TGG GGA AG-3'
L16129	22	5-'CAG CCA CCA TGA ATA TTG TAC G-3'
H16168	20	5'-GGG GTT TTG ATG TGG ATT GG-3'
L16201	20	5'-AAC CCC CTC CCC ATG CTT AC-3'
H16221	21	5'-TTG ATG TGT GAT AGT TGA GGG-3'
H16240	20	5'-GTG GCT TTG GAG TTG CAG TT-3'
L16279	20	5-'CCC TCA CCC ACT AGG ATA CC-3'
H16313	24	5-'CTA TGT ACG GTA AAT GGC TTT ATG-3'
H16401	20	5'-TGA TTT CAC GGA GGA TGG TG-3'

3. táblázat A HVSI régió részekvenciáinak amplifikációjához használt primerek.

szakaszból kíséreltük meg összeilleszteni. Először kettő, egy 239 bp-os és egy 240 bp-os szakasszal próbálkoztunk, majd ha így nem jártunk sikerrel, még rövidebb, egyenként 168, 152, 155 és 161 bp-os szakaszokat amplifikáltunk. Az egyes szakaszok egymáshoz való viszonya a 7. ábrán látható, a PCR reakcióban használt primerek pedig a 3. táblázatban vannak összefoglalva.

Nukleotid pozíció	Helye (régió)	Mutáció	Primerek	A mutáció kimutatása
72	HVSII	T $\Rightarrow$ C	L28: 5'-CAG GTC TAT CAC CCT ATT AAC CA-3' H132: 5'-GGA TGA GGC AGG AAT CAA AG-3'	szekvenálás
73	HVSII	A $\Rightarrow$ G	L28: 5'-CAG GTC TAT CAC CCT ATT AAC CA-3' H132: 5'-GGA TGA GGC AGG AAT CAA AG-3'	+73 <i>ApaLI</i>
152	HVSII	T $\Rightarrow$ C	L111: 5'-CGA GAC GCT GGA GCC GGA GCA-3'	szekvenálás
235	HVSII	A $\Rightarrow$ G		szekvenálás
249	HVSII	del	H255: 5'-TGT CTG TGT GGA AAG TGG CTG TGC-3'	szekvenálás
4580	kódoló	G $\Rightarrow$ A	L4521: 5'-TAC CAT CTT TGC AGG CAC AC-3' H4660: 5'-AAG GAT TAT GGA TGC GGT TG-3'	-4580 <i>NheI</i>
5178	kódoló	C $\Rightarrow$ T	L5147: 5'-TTA TCC TAA CTA CTA CCG CAT TCC-3' H5254: 5'-GTG GCT ATG ATG GTG GGG ATG-3'	-5176 <i>AluI</i>
7028	kódoló	C $\Rightarrow$ T	L6962: 5'-TTT TCA CCG TAG GTG GCC TG-3' H7126: 5'-TGA AAT GGA TTT TGG CGT AGG-3'	+7025 <i>AluI</i>
8272-8280	kódoló	9bp del.	L8215: 5'-CAG TTT CAT GCC CAT CGT C-3' H8297: 5'-ATG CTA AGT TAG CTT TAC AG-3'	PCR
8251	kódoló	G $\Rightarrow$ A		-8250 <i>BsuRI</i>
10238	kódoló	T $\Rightarrow$ C	L10146: 5'-TGA CTA CCA CAA CTC AAC GGC T-3' H10288: 5'-AGG TTA GTT GTT TGT AGG GCT C-3'	+10237 <i>HphI</i>
10310	kódoló	G $\Rightarrow$ A	H10220: 5'-GCG TCC CTT TCT CCA TAA AA-3' L10348: 5'-GGC CAG ACT TAG GGC TAG GA-3'	szekvenálás
10398	kódoló	A $\Rightarrow$ G	L10292: 5'-CCT TTT ACC CCT ACC ATG AGC C-3'	szekvenálás
10400	kódoló	C $\Rightarrow$ T	H10466: 5'-TTT ATG TAA ATG AGG GGC ATT TGG-3'	szekvenálás
10873	kódoló	T $\Rightarrow$ C		-10871 <i>MnII</i>
10876	kódoló	A $\Rightarrow$ G	L10767: 5'-AAC CTA AAC CTA CTC CAA TGC TAA A-3' H10965: 5'-GTG AGG GGT AGG AGT CAG GTA G-3'	szekvenálás
11719	kódoló	G $\Rightarrow$ A	L11674: 5'-CAG CCA TTC TCA TCC AAA CC-3' H11852: 5'-GGG GTA AGG CGA GGT TAG C-3'	szekvenálás
12308	kódoló	A $\Rightarrow$ G	L12214: 5'-CCC CTT ATT TAC CGA GAA AGC-3' H12398: 5'-TTG TTA GGG TTA ACG AGG GTG G-3'	szekvenálás
12705	kódoló	C $\Rightarrow$ T	L12622: 5'-CAT CCC TGT AGC ATT GTT CG-3' H12764: 5'-AAT TCC TAC GCC CTC TCA GC-3'	szekvenálás
14470	kódoló	T $\Rightarrow$ C	L14396: 5'-CTC CAT CGC TAA CCC CAC TA-3' H14527: 5'-TTC TGA ATT TTG GGG GAG GT-3'	szekvenálás
14766	kódoló	C $\Rightarrow$ T	L14638: 5'-ACC CCA CAA ACC CCA TTA CT-3' H14837: 5'-AGG AGT GAG CCG AAG TTT CA -3'	+14766 <i>MseI</i>

**4. táblázat** A HVSII és a kódoló régió analíziséhez használt primerek és a mutációk kimutatásának módja. A plusz (+) jel a felismerőhely meglétét, a mínusz (–) jel a hiányát jelöli.

A HVSI azonban nem minden esetben elegendő a pontos haplocsoport besoroláshoz, ilyen esetekben szükség van néhány, a HVSII illetve a kódoló régióban található mutációs pont meghatározására.

### **3.3.3. A HVSII és a kódoló régió analízise**

A HVII és kódoló régióban található mutációs pontok meghatározásához használt primer párok az 4. táblázatban találhatók. Itt is úgy terveztük az amplifikálandó szakasz hosszát, hogy az archaikus mintából is kimutatható legyen. Az amplifikátumok hossza 111-238 bp között található. A PCR reakció összetétele és menete megegyezett a HVSI régióban leírtakkal. A vizsgálni kívánt mutációs pontot vagy enzimátikus hasítással, vagy ahol erre nem volt mód, szekvenálással határoztuk meg.

A hasítási reakció összetétele a következő volt: 25 µl PCR termék csontminták esetében, 10 µl PCR termék recens minták esetében, valamint 1x puffer és 3 U enzim 50 µl végtérfogóban. Az emésztés recens minták esetében kettő, csontminták esetében egy óráig tartott 37°C-on, kivéve az *MseI* enzimet, ami 65°C-on működött. A hasítási reakció termékét 8%-os poliakrilamid gélen futtattuk, majd etidium-bromid festést követően értékeltük ki.

### **3.4. Szekvenálás**

A PCR termékek tisztítását Montage PCR Centrifuge Filter Device Kittel (Millipore) végeztük, a felhasználói protokoll útmutatása szerint. A csontmintákból származó tisztított terméket 10 µl, a recens mintából származót 30 µl térfogatban vettük fel. A szekvenálási reakcióhoz az ABI Prism BigDye™ Terminátor v3.0 Cycle Sequencing Ready Reaction Kitet (Applied Biosystems) használtunk. A reakcióelegyben 10 µl tisztított PCR termékhez adtunk 12,5 pmol primert és 8 µl szekvenáló mix-szet 20 µl végtérfogóban. A szekvenáláshoz használt primer megegyezett a PCR-hez használt primerrel.

A szekvenáló PCR program a következő lépésekből állt:

93°C	45 másodperc		
96°C	15 másodperc	}	1 ciklus
50°C	15 másodperc		
60°C	4 perc		
93°C	15 másodperc	}	30ciklus
50°C	15 másodperc		
60°C	4 perc		

A szekvenált minta kicsapása:

1. 20 µl reakcióelegyhez 16 µl desztillált vizet és 64 µl 95%-os etanolt mérünk, és óvatosan vortexeljük.
2. Kb. 1 órán át szobahőn állni hagyjuk.
3. 20 percig 13000 rpm-en centrifugáljuk.
4. A felülúszót óvatosan leszívjuk, majd 250 µl 70%-os alkoholt mérünk a csapadékra.
5. Óvatosan vortexeljük, majd 10 perc 13000 rpm centrifugálással mossuk.
6. A felülúszót eltávolítjuk, és a csapadékot 90°C-on 1 perc alatt beszárítjuk.

A szekvenált terméket ABI Prism 310 szekvenátor (PE Applied Biosystem) segítségével megfuttattuk.

### 3.5. Klónozás

A klónozáshoz az InsT/Aclone PCR Product Cloning Kitet (Fermentas) használtuk. Itt a vektor (pTZ57R/T) egy 3'-ddT ragadós véggel rendelkezik, mely segítségével a PCR termék könnyebben beépül a vektorba. A ligálási reakciót a protokollban leírtak szerint végeztük.

A továbbiakban:

1. A ligátumot *E. coli* DH5α kompetens sejtekhez mértük és 30 percig jégen inkubáltuk.
2. 42°C-on 30 másodpercig hajtottuk végre a transzformációt.

3. A sejteket 800 µl SOC-ban 37°C-on 2 órán át rázattuk.
4. LB 1,5% agar lemezekre oltottuk, az LB lemezek 100 µg/ml ampicillint, 50 µg/ml Xgalt és 50 µg/ml IPTG-t tartalmaztak.
5. A lemezeket 37°C-on overnight inkubáltuk.
6. Másnap 3-3 ml ampicillin tartalmú LB tápfolyadékba az inszertet tartalmazó klónokból (fehér telepek) 10-10 telepet egyenként leoltottunk.
7. Overnight 37°C-on rázatva felszaporítottuk.
8. A kinőtt baktériumtenyészetekből minipreppel izoláltunk DNS-t.

A kapott DNS mintákat restrikciós emésztéssel ellenőriztük, hogy a megfelelő inszertet tartalmazzák-e. A plazmidtérkép alapján *EcoRI* és *HindIII* enzimeket használtunk a következő reakcióban: 5 µl DNS, 0,5 µl mindkét enzimből (Fermentas, 10 U/µl) 5 µl R<sup>+</sup> puffer (Fermentas) 25 µl végtérfogatban. 37°C-on 1 órán át inkubáltuk, majd az eredmény sikerességét 8%-os poliakrilamid gélen futtatva ellenőriztük. A megfelelő inszertet tartalmazó mintákat az univerzális M13 forward primerrel szekvenáltuk.

### 3.6. A szekvenciák kiértékelése

#### 3.6.1. A mutációs pontok meghatározása, haplokategorizálás

A szekvenciák értékelése a Chromas programmal történt. A részszekvenciákat a Genedoc program segítségével illesztettük össze. Szintén ezt a programot használtuk a mutációs pontok meghatározásához is. A polimorf pozíciók azonosításához referencia szekvenciaként az rCRS-t használtuk (Andrews és mtsi, 1999). A szekvenciákat a szakirodalomban megtalálható mutációs mintázatok alapján (Torroni és mtsi, 1993; 1996; 1998; 2001; Richards és mtsi, 1998; 2000; Macaulay és mtsi, 1999; Quintana-Murci és mtsi, 1999; Finnila és mtsi, 2001; Helgason és mtsi, 2001; Herrnstadt és mtsi, 2002; Kivisild és mtsi, 2002; 2004; Palanichamy és mtsi, 2004; Maca-Meyer és mtsi, 2001; Loogvali és mtsi, 2004; Kong és mtsi, 2003) soroltuk haplocsoportokba, melyhez a csoportunkban kifejlesztett Haplocat programot használtuk. Az 5. táblázatba azok a haplocsoportok találhatók, amelyek a saját adataink értékeléséhez szükségesek voltak.

Haplocsoport	HVSI mutációk (-16000)	HVSII és kódoló régiós mutációk
A	223T 290T 319A	152C 235G
B	189C	9 bp del
B4	189C 217C	9 bp del
C	223T 298C 327T	249d 10400T -10871MnlI
F	304C	10310A 12705C
H		-73ApaLI -7025AluI -14766MseI
H1a	162G	+73ApaLI -7025AluI -14766MseI
HV		-73ApaLI +7025AluI -14766MseI
I	129A 223T	+10238HphI 10298G 12705T
I2	129A 172C 223T 311C	+10238HphI 10298G 12705T
J	069T 126C	10398G
J1	069T 126C 261T	10398G
J1a	069T 126C 145A 231C 261T	10398G
J1b	069T 126C 261T 145A 222T	10398G
J1b1	069T 126C 261T 145A 172C 222T	10398G
J2	069T 126C193T	10398G
JT	126C	
K	224C 311C	12308G
M	223T	10400T -10871MnlI
N1a	223T 172C 147G/A 248T	152C +10238HphI 10398G 12705T
N1b	145A 176G 223T	152C -8250BsuRI +10238HphI 12705T
R	223C	12308A +73ApaLI +7025AluI 12705C +14766MseI
T	126C 294T	
T1	126C 163G 189C 294T	
T1a	126C 163G 186T 189C 294T	
T1b	126C 163G 189C 243C 294T	
T2	126C 294T 304C	
T2b	126C 294T 296T 304C	
T3	126C 292T 294T	
T4	126C 294T 324C	
T5	126C 153A 294T	
U		12308G
U2	051G	12308G
U2d	051G 234T 189C 294T	152C 12308G
U2e	051G 129C 189C 362C	10876G 12308G
U3	343G	12308G
U4	356C	12308G
U5	270T	12308G
U5a	192T 270T	12308G
U5a1	192T 256T 270T	12308G
U5a1a	256T 270T	12308G
U5b	189C 270T	12308G
U5b1	144C 189C 270T	12308G
U7	318T	12308G
preV	298C	72C -73ApaLI -4580NheI +14766MseI
V	298C	72C -73ApaLI +4580NheI +14766MseI
X	189C 223T 278T	12705T 14470C
W	223T 292T	-8250BsuRI 12705T

5. táblázat Az általunk használt haplocsoportokat definiáló mutációs mintázatok.

### 3.6.2. Populációgenetikai analízis

Saját szekvenciáinkat összehasonlítottuk 10234 eurázsiai egyén szekvenciájával, amelyek 71 különböző populációból származtak. Ezeket az irodalomból illetve az NCBI adatbázisból gyűjtöttük (Függelék). Az általunk azonosított haplotípusokkal azonos szekvenciákat az NCBI Blast programmal kerestünk az adatbázisban.

A szekvenciák populációgenetikai analízisét az ARLEQUIN 2.000 programmal végeztük (Schneider és Excoffer, 2000). A következő intrapopulációs szintű paramétereket néztük:

#### 3.6.2.1. Intrapopulációs paraméterek

##### *Haplotípusok száma*

A HVSI mellett a HVSII és kódoló régiós mutációs pontokat is figyelembe vettük, mivel előfordulhat, hogy megegyező HVSI haplotípusok ezekben a régiókban mégis eltérnek, sőt így eltérő haplocsoportba is tartoznak.

##### *Polimorfizmusok száma*

A HVSI régióra vonatkoztatva a populációban megfigyelt összes polimorfizmus.

##### *Polimorf pozíciók száma*

A HVSI régióra vonatkoztatva a populációban megfigyelt összes polimorf hely.

##### *Nukleotid diverzitás*

Annak a valószínűsége, hogy két véletlenszerűen kiválasztott homológ (azonos pozícióban lévő) nukleotid különbözik egymástól; HVSI régió alapján (a számításához használt képlet a Függelékben található).

##### *Gén diverzitás*

Annak a valószínűsége, hogy két véletlenszerűen kiválasztott haplotípus (szekvencia) különbözik egymástól; HVSI régió alapján (Függelék).

##### *Haplotípusok páronkénti átlagos különbsége*

A HVSI régió alapján (Függelék).

### 3.6.2.2. Populációk közötti genetikai távolságok

A DNS szekvenciák közötti genetikai távolságon az egy nukleotidra eső átlagos eltérések számát értjük. Minél nagyobb két szekvencia (populáció) közötti genetikai távolság, annál régebben váltak el a fejlődés során. A különböző nukleotidok szubsztitúciós rátája azonban nem azonos, amit érdemes figyelembe venni a genetikai távolság számolásánál, mert különben a távolságokat alábecsülhetjük. Erre több modell létezik, amelyekből mi a Tamura-Nei modellt (Tamura és Nei, 1993) alkalmaztuk. Ez a modell korrigálja a tranzíció és a transzverzió rátája közötti különbséget, emellett figyelembe veszi a purin és pirimidin bázisok eltérő tranzíciós rátáját.

Egy adott szakaszt tekintve a mutációs rátát nem tekinthetjük állandónak minden nukleotidra nézve. Ennek a korrigálására mutációs ráták gamma eloszlását veszik figyelembe. A gamma korrekció értékét a humán HVSI régióra Meyer és munkatársai (1999)  $\alpha=0,26$ -ra becsülték, így mi is ezt alkalmaztuk.

A populációk közötti genetikai távolságok ( $F_{st}$ ) szignifikanciájának ellenőrzését 10000 permutációval végeztük. Az eredményeket egy távolság mátrixban kaptuk meg. Ennek kétdimenziós képi ábrázolását a nem metrikus többdimenziós skálázás (MDS) módszer alapján végeztük, melyhez az SPSS 5.0 és az XLSTAT 2006.3 programokat használtuk. A programok az egyes pontok (populációk) közötti távolságok kétdimenziós megjelenítését a Kruskal féle algoritmus szerint végzik, mely a pontok kezdő konfigurációját számos lépésen keresztül finomítja mindaddig, amíg további lényeges javulás már nem érhető el. Ez kvantitatívan stressz-függvénnyel írható le.

### 3.6.2.3. Populációgenetikai struktúra

Annak érdekében, hogy a magyar nyelvű populációk genetikai szerkezetét és a populációk közötti kapcsolatrendszerét feltérképezzük AMOVA (analysis of molecular variance) analízist végeztünk. Ennek lényege, hogy egy hierarchikus variancia analízis során meghatározzuk a különböző szinteken kapott kovariancia komponensek arányát az összes varianciához képest, a különböző szintekben megfigyelhető haplotípus variancia különbségek alapján. A vizsgált populációkból hipotetikus csoportokat hoztunk létre és meghatároztuk a hierarchikus szinteken belüli haplotípus variációk mértékét. Három szinten, populáción belül, populációk között



csoporton belül és csoportok között vizsgáltuk a kovarianciák megoszlását. Minél nagyobb egy szint kovariancia aránya annál nagyobb különbség figyelhető meg az adott szinten található szekvenciák között. Az összes hipotetikus kapcsolatrendszer vizsgálatával eldönthető a populációk és csoportjaik hierarchikus szerkezete.

#### 3.6.2.4. Filogenetikai hálózat és származástani fa

Filogenetikai hálózatot rajzoltunk, mely a magyar nyelvű populációk összes szekvenciáját magába foglalja. Ehhez a Network 4.2 (fluxus-engineering.com) programot használtuk. A HVSI régióban az egyes nukleotid pozíciókat 2-es súlyozással vettük figyelembe, kivéve a gyorsan változó pozíciókat (16093, 16126, 16129, 16187, 16189, 16223, 16234, 16278, 16292, 16293, 16311, 16325, 16355, 16362), amelyek 1-es súlyozást kaptak (Reidla és mtsi, 2003). A HVSII és kontroll régiós nukleotid pozíciók 10-es súlyozással vettek részt.

### 3.7. A kontamináció megelőzése

Az eredmények hitelessége érdekében nagyon fontos, hogy elkerüljük a nem endogén DNS-sel való kontaminációt. Ezért a mintafeldolgozás minden lépésénél gondos odafigyeléssel, és szigorú előírásoknak megfelelően jártunk el.

A vizsgálatba bevont csontminták esetében már a kezdetektől nagy figyelmet kellett fordítani arra, hogy a csontot megfelelően kezeljük. Így nagy felelőssége volt az ásatást végző régésznek, hogy minél kevesebb munkatárs érintkezzen az ásott csontmintával, és míg a laborba eljutott, addig is minimáltuk a csonttal érintkező személyek számát. Ezen felül minden, a csontmintával kapcsolatba került személy mtDNA haplotípusát meghatároztuk az esetleges kontaminációk kiszűrhetősége érdekében.

Minden munkafolyamatnál, az ásatástól a labormunkáig, mindenki megfelelő védőruházatot hordott (kesztyű, szájmaszk, laborköpeny). Minden munkafolyamat egymástól térben jól elkülönített helyiségben történt. A laboratóriumi munka során különösen fontos a pre- és poszt-PCR helyiségek határozott izoláltsága. A munkafelületeket (elszívófülke és PCR fülke munkafelülete) és munkaeszközöket (pipetták, fúróhegyek, spatulák) először hígított nátrium-hipoklorittal (hipó) jól átmostuk, majd 1 órán át  $1 \text{ J/cm}^2$  UV-C sugárzásnak vetettük alá. Minden vegyszert

0,22 µm-es szűrőn átszűrtük, majd fél óráig UV-C besugárzásnak vetettük alá. A pipettázáshoz szűrős tippeket használtunk. A PCR csöveket autoklávozással sterilizáltuk. A csont felszínét jól átmostuk hipóval. A diafizis egy 2 x 5 cm darabját 3-4 mm mélységig lecsiszoltuk, majd 30 percig UV-C sugárzásnak vetettük alá. A csontport steril centrifugacsőbe gyűjtöttük.

Minden munkafolyamatnál, kezdve a porítástól, az extrakción és izoláláson keresztül a PCR reakcióig mintát nem tartalmazó negatív kontrollokat alkalmaztunk, hogy a reagensek és eszközök DNS mentességét ellenőrizzük. A feldolgozás során az egyes szakaszokat külön PCR reakcióban amplifikáltuk. Ugyanazon szakasz forward illetve reverz irányú szekvenálása is két külön PCR reakcióból származó termékből történt. A felsokszorozott kisebb szakaszok egymással részlegesen átfednek, így az összeillesztésnél is kiszűrhetők az esetleges hibák. A szekvenciák egy részét kétszer, két egymástól független kísérletben is feldolgoztuk, annak igazolására, hogy a kapott eredmény teljesen reprodukálható.

A végső szekvencia csak akkor volt elfogadható, ha minden negatív kontroll kontamináció mentes (vagy a sporadikusan előforduló kontamináció nem azonos a mintából kapott szekvenciával) volt, a komplementer részszekvenciák azonos mutációs mintázatot mutattak, illetve a két független kísérletből származó szekvenciák teljes mértékben megegyeztek.

## 4. Eredmények

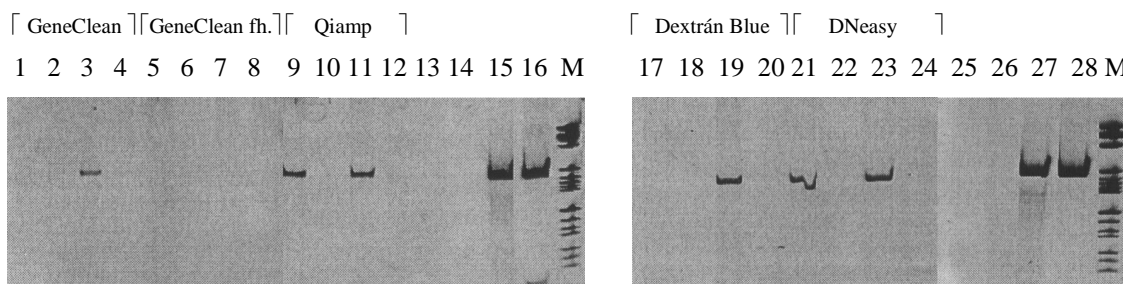
### 4.1. Ásatag DNS izolálási módszerek összehasonlítása

Az aDNS csontmintából történő izolálásához a munka folyamán több módszert használtunk. A csontminták feldolgozása mellett ugyanis azt is célul tűztük ki, hogy minél hatékonyabb módszert dolgozzunk ki az aDNS izolálásához.

A DNS izolálás mindent esetben csontporból származó DNS extraktumból történt. Kezdetben a csontpor gyűjtés egy egyszerű fúrófejjel történt, amivel a csontot több helyen megfúrva jutottunk a használt mennyiségű csontporhoz. Így alkalmanként kb. 150-200 mg port tudtunk előállítani.

Alap esetben a csoportunkban korábban kidolgozott Dextrán Blue használatán alapuló módszert alkalmaztuk (Kalmár és mtsi, 2000). A Dextrán Blue nagy molekulatömegű szénhidrát, mely szelektíven köt akár igen kis mennyiségű DNS-t is, de a csontextraktumban található PCR inhibitorokat nem koprecipitálja. Ez az eljárás sok esetben biztosított számunkra használható aDNS-t, viszont többször tapasztaltuk, hogy bizonyos mennyiségű gátló anyag mégis jelen van a végtermékben. Később kipróbáltunk néhány, a kereskedelemben kapható DNS izoláló kitet (DNeasy, Qiamp, GeneClean). A DNeasy és Qiamp kitek szilika-gél oszlopokat tartalmaznak, melyek szelektíven kötik a DNS-t, miközben a gátlóanyagok átfolynak a csövön. A GeneClean for Ancient DNA direkt ásatag és múzeumi mintákra kifejlesztett kit, melyben üveggyöngyök alkotnak komplexet a DNS-sel, miközben a gátlóanyagokat többszöri mosás során eltávolítjuk. Ebben az esetben két protokollt is kipróbáltunk, az eredetit és egy felhasználó által módosított változatot. A nagyobb hatékonyság elérése érdekében a PCR reakcióhoz BSA-t adtunk.

A különböző izolálási módszerek összehasonlítását egy adott csontminta esetében az 8. ábra mutatja be. Látható, hogy ez esetben a felhasználó által módosított módszer nem hozott eredményt még BSA használatával sem, az eredeti protokoll szerinti GeneClean alkalmazás, illetve a Dextrán Blue használata csak akkor adott eredményt, ha a PCR-ben BSA-t használtunk, míg a leghatékonyabbnak a DNeasy és Qiamp kitek mutatkoztak. Természetesen jobb minőségű csontok esetén akár a Dextran Blue önmagában is hatékony lehet. Ennek ellenére, elsősorban időtakarékosági megfontolásokból a minták feldolgozásánál a DNeasy vagy Qiamp kitek használatát részesítjük előnyben.



**8. ábra** A különböző izolálási módszerek hatékonyságának összehasonlítása egy csontmintán (12B).

M: pBR322/HaeIII molsúlymarker; 1-4 : GeneClean kit, 5-8: GeneClean felhasználói protokoll, 9-12: Qiamp kit, 17-20: Dextrán Blue, 21-24: DNeasy kit; 1,5,9,17,21: csontminta; 2,6,10,18,22: extrakciós kontroll; 3,7,11,19,23: csontminta+BSA; 4,8,12,20,24: extrakciós kontroll+BSA; 13,14,25,26: negatív PCR kontroll; 15,16,27,28: pozitív PCR kontroll.

A későbbiekben az extrakcióban módosítást hajtottunk végre, mely során egy, az izolálást megelőző dekalifikálási lépést iktattunk be. Ennek lényege, hogy a csontport néhány napon keresztül EDTA-val mossuk. Az EDTA megköti a csontban lévő  $\text{Ca}^{2+}$  ionokat, s fellazítja a csontok ásványi mátrixát. Ezzel jobban hozzáférhetővé teszi a DNS tartalmú sejteket, az oszteoblasztokat.

Hogy még töményebb csontextraktum álljon rendelkezésünkre, növeltük a kiindulási csontpor mennyiségét, amit a porításhoz használt golyós őrlőmalom alkalmazása tett lehetővé. Így kb. 1,3-1,5 g csontporból kiindulva próbáltuk ki a fentebb említett izolálási módszereket. Az EDTA mosás illetve a kiindulási csontmennyiség növelése lehetővé tette olyan csontmintákból is a DNS izolálást, melyekből az előzőekben nem sikerült DNS-t kinyernünk.

#### 4.2. A PCR termékek klónozása

Az egyes részszekvenciákat mindkét irányból megszekvenáltuk, akár több alkalommal is. Mégis előfordult, hogy direkt szekvenálással nem tudtuk a teljes bázissorrendet egyértelműen meghatározni, mivel egyes pozíciókban értékelhetetlen, vagy esetleg ellentmondó eredményeket kaptunk. Ilyen esetekben a kérdéses szakaszt beklónoztuk. A klónozás azért is különösen ajánlott, mert fényt deríthet az esetleges kontamináció jelenlétére, vagy arra, ha egy pozícióban heteroplazmia fordul elő.

Összesen 12 csontmintából (anc4, anc6, anc8, anc12, anc15, anc22, anc23, 17B, 85B, 86B, 91B, 92B) végeztük el egy vagy több részegységnek a klónozását. A klónok

szekvenciái a Függelékben található. Minden szakaszból legalább hat-hat klónt értékeltünk.

Hat minta esetében (17B, 92B, anc6, anc12, anc15, anc23) a direkt szekvenálást követően nem tudtunk pontosan meghatározni egy vagy több nukleotid pozíciót. Ezekben az esetekben azonban a klónozás egyértelmű eredményt adott. Gyakorlatilag majdnem minden szakasz klónszekvenciáiban található sporadikus eltérések a konszenzus szekvenciához képest. Ezek valószínűleg a poszt-mortem módosulásokból adódnak, esetleg néhányat a polimeráz enzim működésének hibája okozhatta. Ezek nem igazán zavarják a szekvenciák és klónok kiértékelését. Előfordul viszont, hogy egy adott nukleotid pozícióban több klónban figyelhető meg eltérés. A 86B minta esetében a 16348 pozícióban, míg az anc8 minta esetében a 16222 pozícióban található a C/T együttes jelenléte. Ez utóbbi esetben, mivel csak a 240 bp-os szakaszban található meg ez az eltérés, feltehetően az amplifikáció során bekövetkezett hibáról, mintsem poszt-mortem módosulásról lehet szó. Ennél még érdekesebb a 92B szekvencia, ahol három pozícióban (16079, 16095 és 16128) figyelhető meg különböző klónok együttes megjelenése. Mindhárom esetben azonban az összes klón tartalmazza az adott haplocsoportot meghatározó mutációkat, tehát kizárható, hogy kontamináns molekulákról lenne szó. Így valószínű itt is poszt-mortem módosulással van dolgunk, amely a DNS molekulák nagy hányadát érintette. Előfordulhat, hogy a PCR korai ciklusában történt helytelen bázisbeépülés, vagy esetleg felmerülhet a heteroplazmia lehetősége, habár egyszerre három ilyen közeli pozíciót érintve (92B) az utóbbi két feltételezés egyike sem túl valószínű. A klónok elemzése egyes csontmintáknál bizonyos mennyiségű kontamináns DNS jelenlétére is rámutatott a 17B, anc4 és anc12 minták esetében. Itt a kontamináns klónok mutációs mintázata teljes mértékben különbözik a konszenzus szekvenciától. Ez nem ritka jelenség, hisz az ásatag minták nagy részének feldolgozása során, még a legnagyobb elővigyázatosság ellenére is valamilyen mértékben kimutatható kontamináns exogén DNS (Hoffreiter 2001; Kolman, 2000). Ennek igazi mértékét azonban csak jóval nagyobb számú klón segítségével lehet megállapítani.

### 4.3. A populációk haplocsoportok és haplotípusok szerinti analízise

#### 4.3.1. A honfoglalás kori populáció

Összesen 38 honfoglalás kori csontmintából származó szekvencia esetében sikerült a teljes mtDNS analízist elvégeznünk. A minták 18, a Kárpát-medencében található lelőhelyről származtak. A feldolgozott szekvenciák mindegyike besorolható volt egy konkrét haplocsoportba. A vizsgált 38 minta összesen 33 különböző haplotípust képviselt és 19 haplocsoportba tudtuk besorolni (6. táblázat).

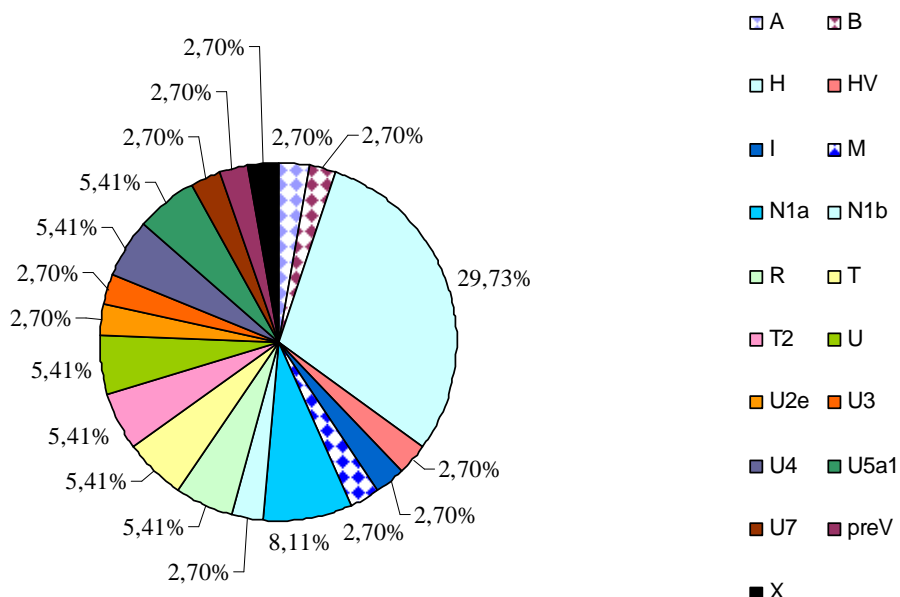
Minta	HVSI mutációk (-16000)	HVSII és kódoló régiós mutációk	Haplocsoport
8B	223T 290T 293C 319A		A
anc1	140C 182C 183C 189C 217C 274A	+7025AluI 10400C 12308A +14766MseI 9 bp del.	B
anc2	CRS	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
anc5	CRS	-73ApaLI -7025AluI +14766MseI	H
anc21	CRS	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
anc25	294T 304C	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI 10310G	H
anc17	304C	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
12B	311C	-73ApaLI -7025AluI 12705C +14766MseI	H
anc19	093C 366T	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
91B	093C 221T	-73ApaLI -7025AluI	H
17B	189C 295T	-73ApaLI -7025AluI 12308A -14766MseI	H
anc26	311C 362C	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
16B	095T 294T 296T 298C	-73ApaLI -4580NheI -7025AluI -14766MseI	H
anc27	311C	-73ApaLI -14766MseI +7025AluI	HV
anc10	129A 148T 223T	+10238HphI 12705T	I
anc20	223T 311C	10400T	M
anc3	147A 172C 183C 189C 223T 320T 355T	+10238HphI	N1a
anc8	147A 172C 183C 189C 223T 248T 320T 355T	+10238HphI	N1a
86B	147A 172C 183C 189C 223T 248T 320T 355T	+10238HphI	N1a
92B	145A 176G 223T 311C	-8250BsuRI	N1b
anc14	CRS	+73ApaLI -7025AluI 11719A 12308A +14766MseI	R
anc13	311C	+73ApaLI 11719A 12308A 12705C +14766MseI	R
anc16	051G 126C 147T 294T 296T	10400C +10871MnII	T
anc12	126C 182C 183C 189C 294T 296T 298C	9 bp del.	T
anc11	126C 294T 304C		T2
anc18	126C 148T 218T 294T 304C		T2
85B	092C 325C	+73ApaLI +7025AluI 12308G +14766MseI	U
anc9	259A 311C	-73ApaLI +7025AluI 12308G +14766MseI	U
5B	051G 092C 129C 183C 184+C 194+C 263C 362C 391A	10876G 12308G	U2e
anc24	311C 343G	12308G	U3
anc7	356C	12308G	U4
anc4	223T 356C	10400C 12308G 12705C	U4
anc6	114A 192T 256T 270T 294T	12308G	U5a1
94B	114A 192T 256T 270T 294T	12308G	U5a1
89B	318T	+73ApaLI +7025AluI 12308G	U7
anc15	153A 298C	72C -73ApaLI -4580NheI +7025AluI -14766MseI	preV
anc22	183C 189C 223T 278T	+10871MnII 14470C	X
anc23	183C 189C 223T 278T	+10871MnII 14470C	X

**6. táblázat** Az ásatag csontminták mutációs mintázata és haplocsoportjai. A számozás a rCRS (Andrews és mtsi, 1999) alapján történik.

Három minta, az összes 8,1%-a kifejezetten ázsiai típusú haplocsoportba tartozik. Az A és B haplocsoportok elsősorban Kelet-Ázsiában gyakoriak, de előfordul Közép-Ázsiában is, míg az M vonal Dél-Ázsiában, különösen Indiában gyakori (9. ábra).

A többi 35 szekvencia európai kládokba sorolható. A legnagyobb frekvenciával a H haplocsoport van jelen (11 minta, 29,73%), ami Európa szerte is a legelterjedtebb. De míg az európai gyakoriságok 40-60% közé esnek (átlag 46%), a honfoglalóknál ez az előfordulási frekvencia alacsonyabb. Három szekvencia mutatja a rCRS-val megegyező mintázatot, ezeket leszámítva nem találunk azonos haplotípusokat a H vonalban.

A második leggyakoribb az U haplocsoport, ami a minták 24,33%-át foglalja magába (9 minta). Ez magasabb, mint az európai átlag, ami 14% körül van. Mivel ez a legrégebben kialakult haplocsoport Európában, nagy divergenciát és változatosságot mutat, számos alhaplocsoporttal rendelkezik. A honfoglalók között is igen változatos formában jelenik meg, öt különböző alhaplocsoportot tudtunk kimutatni. Két-két minta tartozik az U4 és U5a1 alcsoportokba, melyek közül az U5a1 haplotípusok egymással megegyező mintázatot mutatnak. Egy-egy szekvencia sorolható az U2e, U3 és U7 csoportokba.



**9. ábra** A 10-11. századi minták haplocsoport megoszlása. A mintázott szeletek az ázsiai haplocsoportokat jelölik.

A T kládot négy minta képviseli (10,82%), melyből kettő-kettő tartozik a T ill. T2 vonalakhoz. Egyik sem mutat megegyező haplotípust. Érdekes viszont, hogy az anc12 szekvencia esetében a kódoló régió 8272-8280 pozíciók közötti 9 bp-os deléció is kimutatható volt. Ez a deléció az ázsiai B haplocsoportra jellemző, mintegy fémjele ennek a vonalnak, és eredetét is Ázsia területére teszik. Ezzel szemben a mi szekvenciánk a többi mutáció alapján egyértelműen besorolható a T haplocsoportba. Irodalmi adatok alapján viszont a 9 bp deléciót igen ritkán, néhány esetben Ázsiától és a B haplocsoporttól függetlenül más haplocsoportokban is megtalálták, így pl. Európában vagy az afrikai pigmeusoknál (Torroni és mtsi, 1995; Soodyall és mtsi, 1996; Thomas és mtsi, 1998). Így feltehetően ez a deléció bár leginkább Ázsiára és a B haplocsoportra jellemző, kialakulása polifiletikus és különböző helyeken többször megjelenhetett a filogenezis során. Viszont míg az ázsiai deléció egy igen ősi mutációnak számít, és teljesen elterjedt a B haplocsoportban, az Európában ill. Afrikában fellelhető esetek csak elszigetelten fordulnak elő, így megjelenése, kialakulása is sokkal későbbre tehető.

Három szekvencia sorolható az N1a (8,11%), két-két minta az R és X haplocsoportokhoz. Bár a anc14 kontroll régiós mintázata a rCRS-val azonos, a kódoló régióban található mutációk (73G, 14766T és 11719A) miatt azonban nem sorolható a H haplocsoportba. A két X haplotípus (anc22, anc23) azonos temetkezési helyről származik és azonos mutációs mintázatot is mutat, így feltehetően anyai ági rokonok. A további elemzéseknél és statisztikai analízisnél csak az egyiket vesszük figyelembe, hogy a rokonságból eredő torzításokat elkerüljük. Végül egy-egy szekvencia sorolható az I, N1b és preV csoportokba. Az általunk vizsgált honfoglalás kori populációban nem találtunk J, K, V és W haplocsoportokba tartozó mintákat.

#### 4.3.1.1. Az archaikus leletek két csoportja

A 10-11. századi temetkezési helyekről származó leletek régészetiileg két nagy csoportba oszthatók. A vizsgált csontleletek fele, 19 minta olyan temetőkből származnak, amelyek igen gazdag leletanyaggal, temetkezési melléklettel rendelkeztek, úgymint ló koponya, lószerszámok és díszek, nyíl- vagy lándzsahegyek, veretes övek, hajfonat karikák, fülbevalók (Mesterházy, 1997; Szőke, 1962). Az ilyen leletek többnyire az ún. *kiscsaládi temetőkből* kerültek elő. Ez a temetkezési mód elsősorban a klasszikus honfoglalókra jellemző. A csontleletek másik fele, szintén 19 minta (a

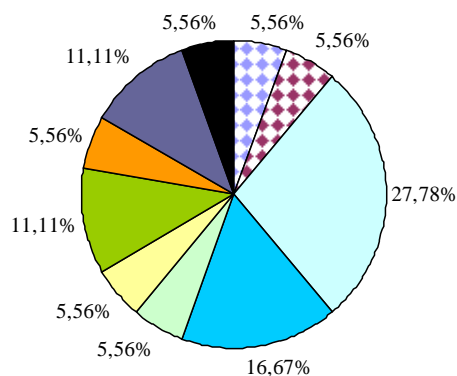


továbbiakban az anc22 és anc23 haplotípus egyezés miatt csak 18) az ún. soros temetkezésből származik. Jellemző rájuk a szegényes leletanyag, nincs lószerszám, kevés és egyszerűbb temetkezési melléklet található bennük (Szőke, 1962; Bálint, 1991). Ezek sok sírból álló temetők, amelyek a *köznépre* jellemzőek. Az ilyen esetekben azonban nem igazán dönthető el, hogy honfoglalókról van-e szó, vagy valamilyen más népcsoportról, akik esetleg már a honfoglalók előtt itt tartózkodtak a Kárpát-medencében (Mesterházy, 1996). A két temetkezési típusból származó leleteket összehasonlítva jelentős különbségek figyelhetők meg (7. táblázat, 10. ábra).

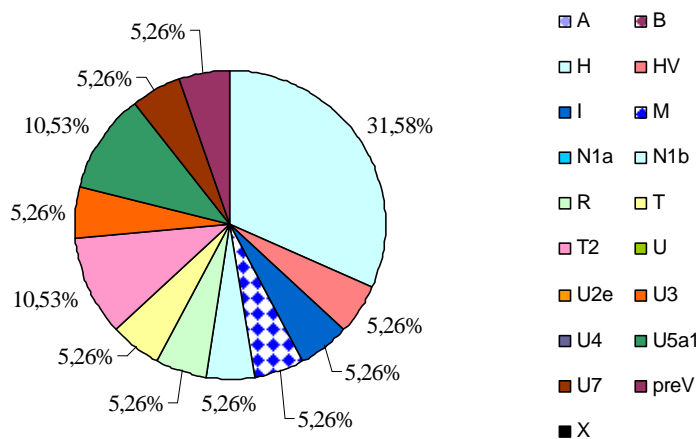
Klasszikus honfoglalók		Köznépi sírok	
Minta	Haplocsoport	Minta	Haplocsoport
8B	A	anc2	H
anc1	B	anc19	H
12B	H	anc5	H
16B	H	anc17	H
17B	H	anc26	H
anc25	H	91B	H
anc21	H	anc27	HV
anc8	N1a	anc10	I
anc3	N1a	anc20	M
86B	N1a	92B	N1b
anc13	R	anc14	R
anc12	T	anc16	T
anc9	U	anc18	T2
85B	U	anc11	T2
5B	U2e	anc24	U3
anc7	U4	anc6	U5a1
anc4	U4	94B	U5a1
anc22	X	89B	U7
anc23	X	anc15	preV

7. táblázat A honfoglalás kori leletek két csoportja.

A.



B



**10. ábra** A honfoglalás kori minták két csoportjában meghatározott haplocsoport frekvenciák. A: klasszikus honfoglalók B: köznépi temetők. A mintázott szeletek az ázsiai haplocsoportokat jelölik.

A klasszikus honfoglalók közül két minta (11,12%) tartozik kifejezetten ázsiai haplocsoportba (A és B). Öt-öt minta (27,78 - 27,78%) sorolható a H és U haplocsoportokba, három csontlelet (16,67%) az N1a, míg egy-egy szekvencia (5,56 - 5,56%) az R, T és X haplocsoportokba. A H haplocsoport frekvenciája az európai átlaghoz képest (46%) jóval alacsonyabb, míg az U klád képviselői inkább felülreprezentáltak (európai átlag 14%). Ez a haplocsoport főleg Dél-Európában gyakori, de kelet-európai populációkra is jellemző (Richards és mtsi, 1998). Két-két lelet sorolható az U és U4 haplocsoportokba. Az U4 vonal nagy gyakorisággal fordul elő a Volga-Urál vidéken, és Nyugat-Szibériában (Malyarchuk és mtsi, 2004), frekvenciája a manysiknál és komiknál (16% és 24%) a legmagasabb (Bermisheva és

mtsi, 2002; Derenko és mtsi, 2003). Az anc4 lelet az adatbázis alapján szerb, nyenyec, finn és észt szekvenciákkal mutat teljes egyezést. Egy szekvencia az U2e haplocsoportba sorolható. Ez a vonal az U2 csoport európai ágát jelenti, de képviselői megtalálhatók Nyugat-Európától Mongóliáig (Maca-Meyer és mtsi, 2001). Az N1a haplocsoport igen ritkán fordul elő a mai populációkban világszerte, frekvenciája 0,2% körül van (Haak és mtsi, 2005). Ehhez képest a klasszikus honfoglalók közötti 16,67%-os előfordulás kiemelkedően magasnak számít. A vonal a Kárpát-medencében a neolitikum óta van jelen. A három szekvenciából kettő teljesen azonos, míg a harmadik egy pozícióban különbözik. Mind a három szekvenciában megtalálható viszont a 16189C pozíció, mely Haak és munkatársai szerint az N1a haplocsoport közép-ázsiai ágára jellemző. Az anc8 és 86B szekvenciák csak egy burját szekvenciával mutatnak teljes azonosságot, míg egy lépésre vannak (a 16183C pozícióban) más közép-ázsiai szekvenciáktól. A anc3 szekvencia pedig a 16248T pozíciót leszámítva egyezik más, szintén közép-ázsiai szekvenciákkal. Így feltételezhető, hogy ezek a haplotípusok Ázsián keresztül jutottak a Kárpát-medencébe.

A köznépi temetkezésből származó minták közül egy (5,26%) tartozik az ázsiai M haplocsoportba. A H haplocsoport 31,58%-os gyakorisággal van jelen (6 minta). Az U vonalat négy minta képviseli (21,05%), melyből kettő az U5a1 haplocsoportba, míg egy-egy az U3 ill. U7 haplocsoportba tartozik. Három minta sorolható a T (Tés T2), míg egy-egy a HV, I, N1b és preV csoportokba. Az I haplocsoportot képviselő anc10 koreai, bosnyák és oszét mintákkal, míg az N1b-be tartozó 92B pedig egy oszét haplotípussal mutat teljes azonosságot. Az I és N1b filogenetikailag rokon haplocsoportok alacsony frekvenciával (<5%) fordulnak elő Európában, Közel-Keleten és a Kaukázus vidékén (Richards és mtsi, 2000; Maca-Meyer és mtsi, 2001). Az U5a1 vonal Északnyugat-Európában jellemző. Az ide sorolt szekvenciák (anc6, 94B) azonos haplotípusúak, de különböző temetkezési helyekről kerültek elő, így a közvetlen anyai rokonság kizárható. Teljes egyezést mutatnak viszont finn, norvég, észt, szlovák, szerb és grúz szekvenciákkal. Az U3 a Kaukázusban a legváltozatosabb előfordulású, az U7 Európában igen kis gyakorisággal van jelen, de Indiában a harmadik leggyakoribb haplocsoport (Maca-Meyer és mtsi, 2001).

A két temetkezési típust összehasonlítva látható, hogy a köznépi sírokból előkerült csontleletek haplocsoport megoszlása igen hasonlít egy átlagos európai populációhoz. Magasabb a H haplocsoport aránya (31,58%), mint a klasszikusoknál, és a szintén jellemzően európai T képviselői is jóval magasabb frekvenciával (15,79%)

vannak jelen, ami még az európai átlagot (8%) (Richards és mtsi, 1998) is jelentősen meghaladja. Ezzel szemben a klasszikus leletek haplocsoport megoszlása teljesen más képet mutat. A vizsgált szekvenciák 11,12%-a ázsiai kládba tartozik (A és B), 16,67%-a pedig az N1a ázsiai ágán található. Így a leletek 27,79%-a képvisel ázsiai vonalat. Egyenlő százalékban (27,78%) találhatjuk a H és U haplocsoportokat, ami a H alul, viszont az U felülreprezentáltságára utal.

Huszonnégy csontleletről rendelkezünk antropológiai adatokkal, melyekből egy sem mutat tisztán mongolid jelleget, s csupán háromnál figyelhetők meg kevert európo-mongolid vonások (anc21, anc22, 85B). Bár a három minta mindegyike a klasszikus honfoglalók csoportjába tartozik, egyik sem tekinthető egyértelműen ázsiai eredetűnek (H, X és U haplocsoportok).

#### **4.3.2. Gyimesi csángó populáció**

A gyimesi csángó vidékről származó mintákból 33 esetben sikerült DNS-t izolálnunk és a mtDNS alapú analízist elvégeznünk. A gyimesi minták haplotípusai és meghatározott haplocsoportok a 8. táblázatban találhatók. A minták 20 különböző haplotípust képviseltek, és 16 haplocsoportba tudtuk őket besorolni.

A vizsgált minták közül kettő tartozik jellemzően ázsiai haplocsoportba, ami az összes minta 6,06%-át jelenti. A többi Nyugat-Euráziára jellemző haplocsoportokba sorolható. Az A haplocsoport elsősorban kelet-ázsiai populációkban jellemző, míg az M klád Dél-Ázsiában gyakori. A gyimesi csángók haplocsoport megoszlása nem egy jellegzetes európai képet mutat (11.ábra).

Az Európában leginkább elterjedt H haplocsoport frekvenciája a gyimesi csángóknál 27,27%, ami jóval alacsonyabb, mint általában az európai populációk esetében. A kilenc mintából három sorolható a H1a vonalba. Mind a három H1a haplotípus azonos, emellett még kettő azonos haplotípusú egyén található a H haplocsoportban. Ez arra enged következtetni, hogy a H1a vonal egy közös őstől kerülhetett a gyimesi csángó populációba. Leszámítva az általánosan elterjedt haplotípusokat (16304C) egyedül a Gy34 szekvenciával találtunk egyezőt négy popor, három nyenyec két-két skót és észt, valamint egy-egy kínai, görög, magyar, bosnyák és szlovák szekvenciával.

Az európai átlaghoz képest, ami 8%, alacsony frekvenciával képviseltetett a T haplocsoport. Egy mintát (3,03%) soroltunk a T2b klaszterbe. Szintén alacsony százalékban van jelen a gyimesi csángók között az I és az X haplocsoport. Ezek közvetlenül az N makrohaplocsoportból erednek, és bár kialakulásuk és elterjedésük is Európára tehető, frekvenciájuk általában alacsony, többnyire kevesebb, mint 5% (Richards és mtsi, 1998). A gyimesieknél kapott eredmény is ebbe a tartományba esik.

Minta	HVSI mutációk (-16000)	HVSII és kódoló régiós mutációk	Haplocsoport
Gy35	223C 249C 290T 319A 362C	152C 235G 5178C +10871MnII	A
Gy3	304C	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
Gy31	304C	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
Gy7	026G 319A	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
Gy11	040T 319A	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
Gy14	192T 239T 304C	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
Gy34	278T 293G 311C	-73ApaLI -7025AluI +10871MnII 12705C -14766MseI	H
Gy2	162G 172C 209C 266T	+73ApaLI -7025AluI 12308A 12705C -14766MseI	H1a
Gy21	162G 172C 209C 266T	+73ApaLI -7025AluI 12308A 12705C -14766MseI	H1a
Gy28	162G 172C 209C 266T	+73ApaLI -7025AluI 12308A 12705C -14766MseI	H1a
Gy22	129A 172C 223T 311C 391A	12705T	I2
Gy12	069T 126C		J
Gy15	069T 126C		J
Gy29	069T 126C		J
Gy10	069T 126C 261T 325C		J1
Gy6	224C 311C	12308G	K
Gy9	224C 311C	12308G	K
Gy24	224C 311C	12308G	K
Gy36	224C 311C	12308G	K
Gy39	224C 311C	12308G	K
Gy5	223T 356C	-10871MnII 14470T	M
Gy18	145A 176G 223T 390A	152C 235A 10873T 14470T	N1b
Gy19	145A 176G 223T 390A	152C 235A 10873T 14470T	N1b
Gy4	126C 294T 296T 304C		T2b
Gy26	051G 189C 234T 266T 294T 352C	+73ApaLI +7025AluI 12308G 12705C +14766MseI	U2d
Gy30	356C 374C	12308G	U4
Gy23	192T 270T 304C	12308G	U5a
Gy25	192T 270T 304C	12308G	U5a
Gy27	256T 270T	12308G	U5ala
Gy13	256T 270T	12308G	U5ala
Gy16	256T 270T	12308G	U5ala
Gy17	183C 189C 218T 270T 374T 376T	12308G	U5b
Gy1	126C 189A 223T 278T	12705T 14470C	X

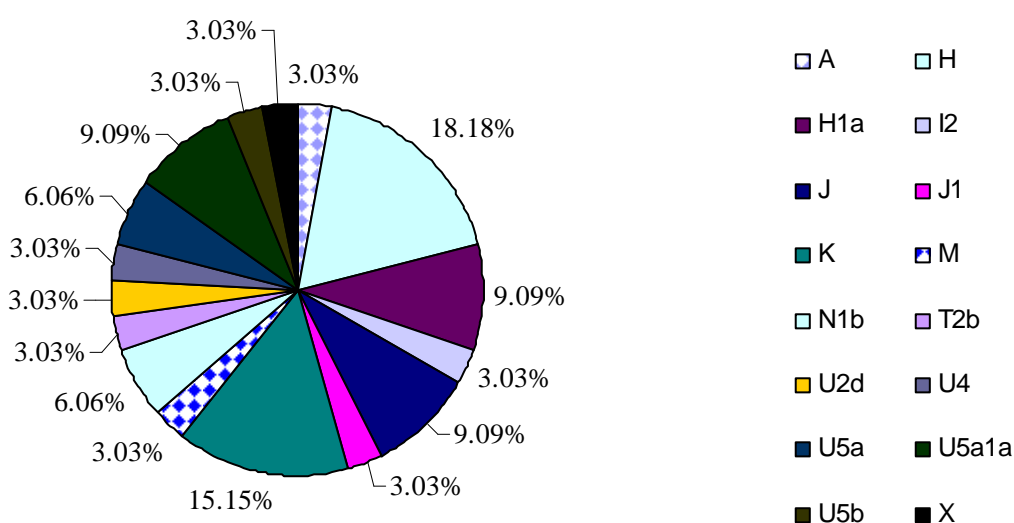
8. táblázat A gyimesi csángó minták mutációs mintázata és haplocsoportjai.

A gyimesi X haplotípus teljes egyezést mutat 21 baranyai roma, 12 bulgáriai roma és két görög szekvenciával. A szintén az N makrohaplocsoportból eredő W vonal hiányzik a gyimesieknél, jelen van viszont az előző hárommal filogenetikailag rokon N1b haplocsoport két mintával (6,06%). Az N1b haplocsoport leginkább a Közel-

Keleten elterjedt (3%), Európában viszont alig található meg. Így az általunk talált 6%-os jelenlét elég magasnak mondható. A két mintának megegyezik a haplotípusa, amely azonos eredetre utal. Azonos haplotípusok főleg oszét (nyolc szekvencia), görög (két szekvencia) valamint olasz, magyar grúz és jemeni (egy-egy szekvencia) populációkban találhatók.

A J haplocsoportba a minták 12,12%-a volt besorolható, ami nagyjából megfelel az Európában kimutatott frekvenciáknak. Három, azonos haplotípusú közvetlenül a J csoportba, míg egy a J1 alcsoportba tartozik. A J haplotípusok szintén származtathatók közös őstől.

Különös túlsúly mutatkozik az U haplocsoport és alhaplocsoportjai esetében. Az U-hoz tartozó vonalakat a 12308G pozíció választja le az R makrohaplocsoportról. Európában átlagos frekvenciája 14%, melynek nagy részét az U5 haplocsoport képviseli (68%). A gyimesi csángóknál ehhez képest az U kiemelkedően magas frekvenciával van jelen, a minták 24,24%-a sorolható ide, melyből öt minta, azaz 18,18% (az U klád 75%-a) az U5 alcsoport tagja. A két U5a ill. a három U5a1a minta azonos haplotípust mutat. Egy-egy minta sorolható az U2d, U4 és U5b haplocsoportokba. Az U2d elsősorban Közel-Keleten található meg, az U4 a Nyugat-Szibériában a leggyakoribb, míg az U5b Nyugat- és Közép Európában elterjedt. Az U5a haplotípusok skót és magyar, az U2d haplotípus egy baranyai roma szekvenciával egyezik.



**11. ábra** A gyimesi csángó minták haplocsoport megoszlása. A mintázott szeletek az ázsiai haplocsoportokat jelölik.

Az U alá sorolható a K klaszter is, mely öt esetben fordul elő a gyimesi csángóknál, ami a minták 15,15%-át teszi ki. Ez az arány jóval meghaladja az európai átlagot, ami 7% (Richards és mtsi, 1998). Ez a vonal általánosan elterjedt Euráziában, de inkább annak nyugati felén, ahol átlagosan 8%-ban fordul elő.

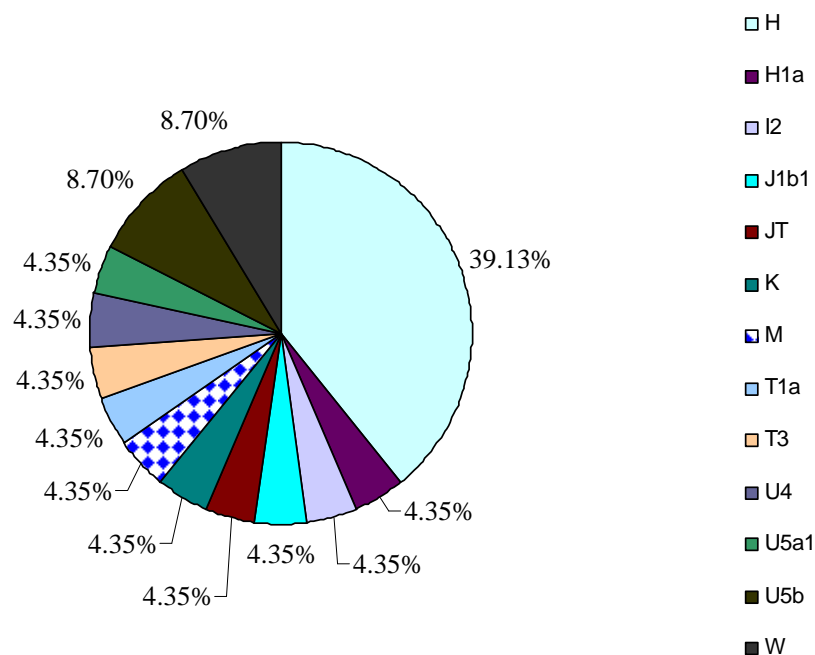
#### 4.3.3. Moldvai csángó populáció

Összesen 23 moldvai csángó személytől származó mintából kaptunk értékelhető eredményt. A minták haplotípusai és a meghatározott haplocsoportok a 9. táblázatban láthatók. A 23 minta 20 különböző haplotípust képviselt és 13 haplocsoportba tudtuk besorolni. A haplocsoport megoszlás az európai populációkra jellemző arányokat mutat (12. ábra).

Minta	HVSI mutációk (-16000)	HVSII és kódoló régiós mutációk	Haplocsoport
M16	CRS	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
M1	158T	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
M2	158T	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
M8	129A 316G	-73ApaLI -7025AluI 12308A 12705C -14766MseI	H
M14	189C 304C	-73ApaLI -7025AluI 10310G -14766MseI	H
M3	304C 318G	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
M28	148T 256T 319A	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
M30	148T 256T 319A	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
M5	183C 189C 271C 356C 362C	-73ApaLI -7025AluI 12308A -14766MseI	H
M18	037G 162G	+73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H1a
M13	129A 172C 223T 311C 319A 391A		I2
M23	069T 126C 145A 172C 207G 222T 261T		J1b1
M29	126C 355T 362C		JT
M9	224C 311C 355T	12308G	K
M6	223T 258G 298C 327T	+10871MnII	M
M11	126C 163G 176T 186T 189C 294T		T1a
M22	126C 292T 294T 320T 357C		T3
M4	311C 356C	12308G	U4
M10	192T 256T 270T 305T	12308G	U5a1
M15	147T 183C 189C 270T	12308G	U5b
M21	093C 183C 189C 270T 301T	12308G	U5b
M17	192T 223T 292T 325C	12705T	W
M27	192T 223T 292T 325C	12705T	W

9. táblázat A moldvai csángó minták mutációs mintázata és haplocsoportjai.

A legnagyobb arányban a H haplocsoport képviselői vannak jelen, amely az összes minta 43,48%-át teszi ki. Ez teljesen egybevágh az Európára jellemző frekvenciával. A 10 mintából egy azonos a Cambridge-i szekvenciával, kettő-kettő azonos haplotípust képvisel, míg egy a 73G, 16162G motívum által jellemzett H1a csoportba tartozik. A második leggyakoribb az U haplocsoport, melybe négy minta sorolható, ez az összes szekvencia 17,4%-a. Egy-egy szekvencia sorolható az U4 ill. U5a1 vonalakba, míg kettő az U5b vonalba, de ezeknek sem egyezik meg a haplotípusa. A W haplocsoport 8,7%-kal felülreprezentált az európai átlaghoz képest, mivel többnyire kevesebb, mint 5% a jellemző frekvenciája. A moldvai csángók között viszont két azonos haplotípusú szekvencia képviseli. Szintén két szekvencia képviseli a T haplocsoportot, de két eltérő alhaplocsoporttal. Az I, J, JT és K haplocsoportokban egy-egy szekvencia található. Az európai vonalak közül az általunk vizsgált moldvai csángók populációnál nem található meg a V és X haplocsoport. A feldolgozott 23 szekvenciából egyetlen egy sorolható a jellegzetesen ázsiai M haplocsoportba.



**12. ábra** A moldvai csángó minták haplocsoport megoszlása. A mintázott szeletek az ázsiai haplocsoportokat jelölik.

Ha a vizsgált haplotípusokat összehasonlítjuk az adatbázisban található más szekvenciákkal, közel sem ilyen egyértelmű a kép. Bár a H haplocsoport kifejezetten európai típusú, itt a leggyakoribb, ez nem az jelenti, hogy máshol, pl. Ázsiában ne



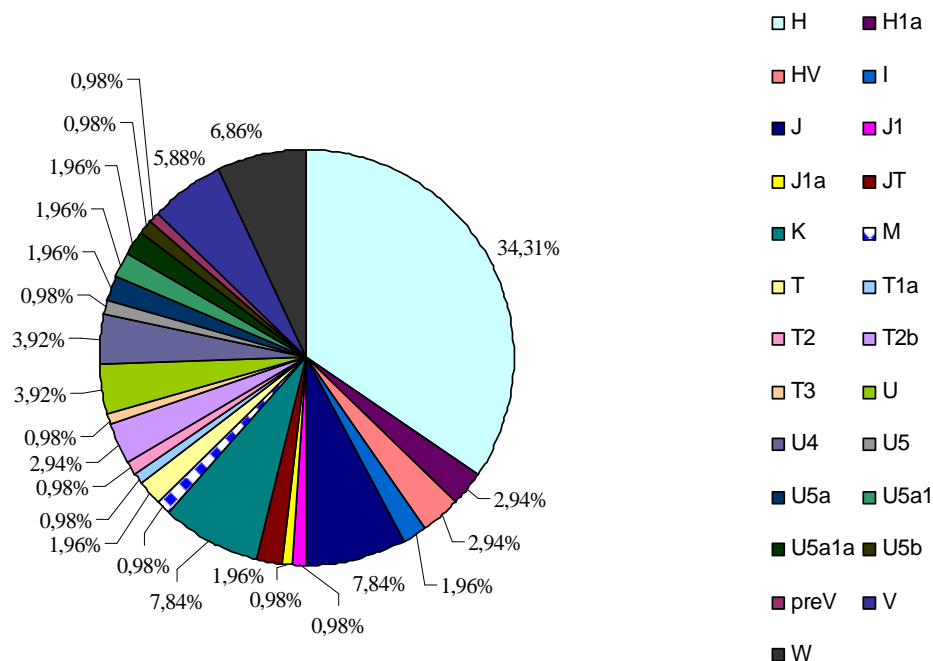
fordulna elő. Sőt vannak bizonyos haplotípusai amelyek Ázsiára jellemzőek. A moldvai haplotípusokkal azonosakat keresve a következő eredményre jutottunk: hat szekvenciával nem találtunk teljesen egyezőt, az M3 egyetlen, általunk meghatározott székely szekvenciával, míg az M8 egy skót szekvenciával egyezett. Az M28 egy-egy szerb, örmény és szlovák szekvenciával mutatott teljes azonosságot, míg az M14 hét Kínából származó, két olasz ill. egy-egy thai, japán, mongol, kasmír, szlovák és grúz mintával volt teljesen megegyező. Ebből következően az M14 bár a H haplocsoport tagja, nagyobb valószínűséggel egy ázsiai típusú szekvenciáról beszélhetünk. A W csoportba tartozó M27 másik kilenc szekvenciával azonos, kettő orkadian ill. szerb, ill. egy-egy görög, budapesti, portugál, skót és burját. A JT vonalat képviselő M29 haplotípus négy etióp, három görög és egy-egy budapesti, jemeni, oszét és grúz mintával mutat teljes azonosságot. Az U4 haplocsoportot képviselő M4 minta három-három szerb ill. nyenyec és egy olasz szekvenciával egyezik meg. Az I2 vonalhoz tartozó M13 egy szerb és szlovák, míg az M9 (K haplocsoport) egy izlandi, az M11 (T1a) egy afrikai szekvenciával azonos.

#### 4.3.4. *Recens magyar populáció*

A magyar populációból 102 szekvencia elemzése történt meg. Hetvennégy különböző haplotípust találtunk, melyek 25 haplocsoportba soroltuk. Egyetlen egy minta tartozik a ázsiai M haplocsoportba, míg a többi európai haplocsoportokba besorolható (13. ábra).

Legnagyobb arányban a H haplocsoport van jelen, 37,25%-kal, majd ezt követi az U 15,68%-kal, ezen belül az U5 7,87%-kal. Mind ezek, mind a többi haplocsoport frekvenciája megfelel egy átlagos európai, közép-európai haplocsoport megoszlásnak. Egyedül a W haplocsoport frekvenciája kiugróan magas, mivel ez általában 1-2% körül fordul elő. Hasonlóan magas frekvencia a finneknél található. A magyarok haplotípus megoszlása igen változatos, összesen 13 haplocsoportban található azonos szekvenciákat (10. táblázat). A H vonalba sorolható CRS haplotípushoz nyolc szekvencia tartozik, de ez a motívum az egyik leggyakoribb egész Európában. Emellett a J alaptípushoz (16069T, 16126C) tartozik szintén nyolc minta, a V alaptípusba (16298C) öt szekvencia, míg a három H, két-két K és W, valamint egy-egy H1a, T2b és U4 vonalakban található két-két azonos szekvencia. Ebből látszik, hogy a mai magyar

mitokondriális génállomány polifiletikus, igen sok, változatos vonalból ered, bár a J és V kládok nagy homogenitást mutatnak.



**13. ábra** A magyar populáció haplocsoport megoszlása. A mintázott szeletek az ázsiai haplocsoportokat jelölik.

Minta	HVSI mutációk (-16000)	HVSII és kódoló régiós mutációk	Haplocsoport
hun76, hun94, hun121, hun5, hun123, hun124, hun127, hun130	CRS	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
hun69, hun111	CRS	+73ApaLI -7025AluI 11719G -14766MseI	H
hun114	060T	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
hun93	114T	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
hun85	129A	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
hun81	239T	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
hun133	260T	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
hun118	261T	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
hun78, hun109	274A	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
hun125	304C	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
hun106	311C	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
hun49	354T	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
hun27	051G 162G	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
hun97	066T 239T	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
hun194	070G 368C	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
hun110	093C 221T	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
hun67	093C 311C	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
hun128	224C 311C	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
hun129	293G 311C	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H

**10. táblázat** A magyar minták mutációs mintázata és haplocsoportjai.

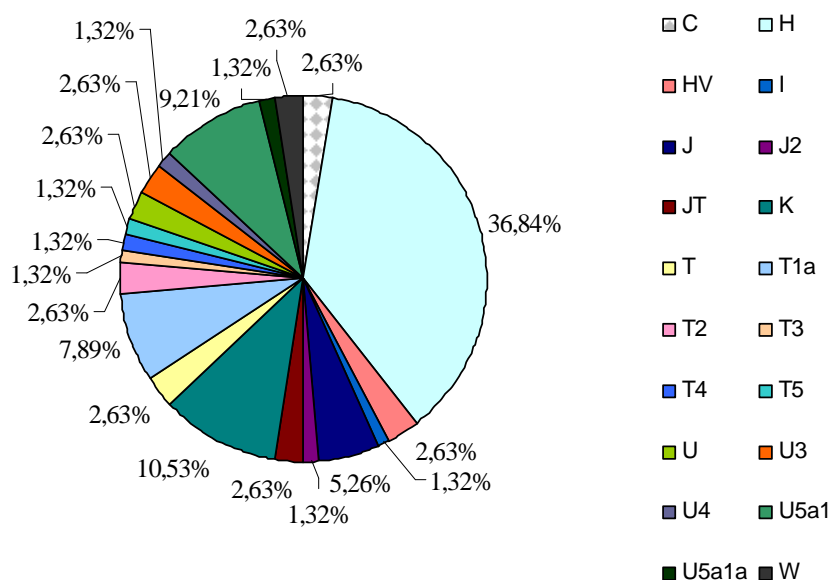
hun99, hun84	294T 304C	-73ApaLI -7025AluI 10310G +10871MnlI -14766MseI	H
hun117	304C 355T	-73ApaLI -7025AluI 10310G +10871MnlI -14766MseI	H
hun104	169T 311C	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
hun131	093C 224C 311C	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
hun1	278T 293G 311C	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
hun126	092C 140C 265G 293G 311C	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
hun132	162G 298C	+73ApaLI -7025AluI 11719G -14766MseI	H1a
hun70, hun86	051G 162G 304C	+73ApaLI -7025AluI 11719G -14766MseI	H1a
hun135	CRS	-73ApaLI +4580NheI +7025AluI -14766MseI	HV
hun64	311C	-73ApaLI +4580NheI +7025AluI -14766MseI	HV
hun82	079T 311C	-73ApaLI +4580NheI +7025AluI -14766MseI	HV
hun136	069T 129A 145A 223T 391A	+10237HphI +10871MnlI 12705T	I
hun137	129A 148T 192T 223T 294T 374C 391A	+10237HphI +10871MnlI 12705T	I
hun100, hun105, hun116, hun122, hun142, hun143, hun144	069T 126C	+10871MnlI	J
hun60	069T 092C 126C 192T 261T	+10871MnlI	J1
hun108	069T 126C 145A 231C 261T	+10871MnlI	J1a
hun108	126C 192T	+73ApaLI +10871MnlI	JT
hun34	126C 163G 186T 189C	+10871MnlI	JT
hun32, hun96	224C 311C	12308G	K
hun95, hun152	093C 224C 311C	12308G	K
hun72	214T 224C 311C	12308G	K
hun153	224C 270T 311C	12308G	K
hun154	224C 287T 311C	12308G	K
hun83	176T 192T 224C 311C	12308G	K
hun196	223T 234T 288C 298C 327T 359C	-10871MnlI	M
hun66	126C 294T	+10871MnlI	T
hun92	126C 294T 296T 362C	+10871MnlI	T
hun77	126C 163G 186T 189C 274A 294T	+10871MnlI	T1
hun101	126C 294T 304C	+10871MnlI	T2
hun119, hun163	126C 294T 296T 304C	+10871MnlI	T2b
hun89	126C 294T 296T 304C 305G	+10871MnlI	T2b
hun164	126C 248T 292T 294T	+10871MnlI	T3
hun167	093C 189C	+73ApaLI +7025AluI 12308G +14766MseI	U
hun166	192T 311C	+73ApaLI +7025AluI 12308G +14766MseI	U
hun155	146G 180G 342C	+73ApaLI +10871MnlI 12308G 12705C +14766MseI	U
hun120	192A 311C 319A	12308G	U
hun28, hun91, hun171	134T 356C	12308G	U4
hun170	111T 261T 356C	12308G	U4
hun33	051G 270T	12308G	U5
hun112	192T 270T	12308G	U5a
hun63	189C 192T 270T	12308G	U5a
hun43	192T 256T 270T	12308G	U5a1
hun102	192T 256T 270T 291T	12308G	U5a1
hun177	256T 270T	12308G	U5a1a
hun113	256T 270T 294T	12308G	U5a1a
hun179	144C 189C 270T	12038G	U5b1
hun185	298C 362C	72C -73ApaLI +4580NheI +7025AluI -14766MseI	preV
hun73, hun88, hun90, hun103, hun195	298C	72C -73ApaLI -4580NheI -14766MseI	V
hun62	240G 298C	72C -73ApaLI -4580NheI -14766MseI	V
hun14, hun42	223T 292T	+10871MnlI	W
hun29, hun107	223T 292T 295T	+10871MnlI	W
hun115	223T 292T 362C	+10871MnlI	W
hun192	172C 223T 231C 292T	+10871MnlI	W
hun74	223T 292T 295T 362C	+10871MnlI	W

10. táblázat Folytatás.

#### 4.3.5. Recens székely populáció

A 76, székely populációból származó minta között 20 haplocsoport és 56 haplotípus különböztethető meg (11. táblázat). Kettő szekvencia (2,63%) sorolható a kifejezetten ázsiai típusú C haplocsoportba (14. ábra). A két szekvencia haplotípusa azonos, így feltehetően azonos anyai vonalból származnak. A többi szekvencia nyugat-eurázsiai haplocsoportokat képvisel, s haplocsoport megoszlása egy Európára jellemző képet mutat. Leggyakoribb a H vonal 36,84%-kal, majd az U klád 17,11%-kal. Az U5 alhaplocsoport frekvenciája (10,53%) azonban magasabb az átlagnál, ami 7%. Magas az előfordulása még a K haplocsoportnak (10,53%), de különösen a T haplocsoportnak (17,11%) a többi populációhoz képest. Ez csaknem kétszerese az Európában előforduló frekvenciáknak. A T haplocsoport leggyakoribb a Közép-Mediterraneumban ill. Közel-Keleten (akár 12%)(Peričić és mtsi, 2005), de a székelyeknél talált frekvencia még ezt is meghaladja.

Összesen 11 haplotípusban találhatók azonos szekvenciák. Hat CRS haplotípust találtunk, míg egyik T1a vonalba négy, egy K vonalba pedig három azonos mutációs mintázatú szekvencia tartozik. Továbbá két-két H és U5a1, és egy-egy C, HV, JT és U3 haplotípusba sorolható két-két minta. Ebből úgy tűnik, hogy a székely populáció is meglehetősen heterogén, szekvenciái igen változatos eredetű vonalakkól származnak.



**14. ábra** A székely minták haplocsoport megoszlása. A mintázott szeletek az ázsiai haplocsoportokat jelölik.

Minta	HVSI mutációk (~16000)	HVSI és kódoló régiós mutációk	Haplocsoportok
sek105, sek163	148T 223T 288C 298C 327T	-10871MnII	C
sek120, sek126, sek133, sek138, sek144, sek148	CRS	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
sek141	037G	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
sek135	093C	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
sek94	129A	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
sek106	184T	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
sek157	239T	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
sek73	261T	+73ApaLI +4580NheI -7025AluI 11719G 12308A -14766MseI	H
sek80	261T	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
sek159	298C	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
sek117, 155	311C	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
sek113	354T	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
sek99	049C 298C	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
sek146, sek149	172C 173T	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
sek88	189C 324C	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
sek95	192T 311C	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
sek165	058T 192T 242T 261T	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
sek101	124A 195G 261T	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
sek118	189C 356C 362C	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
sek161	209C 263C 331G	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
sek119	274A 294T 304C	-73ApaLI -7025AluI 10310G +10871MnII -14766MseI	H
sek152	189C 278T 293G 311C	-73ApaLI -7025AluI -14766MseI	H
sek122, sek170	CRS	-73ApaLI +4580NheI +7025AluI -14766MseI	HV
sek173	129A 148T 223T	+10237HphI +10871MnII 12705T	I
sek137	040G 069T 126C	+10871MnII	J
sek127	069T 126C	+10871MnII	J
sek78	069T 126C 168T	+10871MnII	J
sek84	069T 126C 256T	+10871MnII	J
sek162	069T 093C 126C 193T 265T	+10871MnII	J2
sek86, sek151	126C	+73ApaLI +10871MnII	JT
sek123, sek139, sek140	224C 311C	12308G	K
sek112	224C 311C	12308G	K
sek169	093C 224C 311C 362C	12308G	K
sek172	129A 224C 292T 311C	12308G	K
sek109	224C 287T 311C	12308G	K
sek177	183C 188d 215G 220C 224C 311C	12308G	K
sek142	126C 294T 296T	+10871MnII	T
sek128	126C 187T 294T 296T	+10871MnII	T
sek82, sek171, sek174, sek175	126C 163G 186T 189C 294T	+10871MnII	T1a
sek125	093C 126C 163G 186T 189C 294T	+10871MnII	T1a
sek71	124A 126C 163G 186T 189C 294T	+10871MnII	T1a
sek79	126C 146G 294T 304C	+10871MnII	T2
sek108	126C 294T 296T 304C	+10871MnII	T2b
sek134	126C 292T 294T	+10871MnII	T3
sek168	126C 294T 296T 324C	+10871MnII	T4
sek90	126C 153A 294T	+10871MnII	T5
sek104	179T	12308G	U
sek158	362C	12308G	U
sek124, sek185	343G	12308G	U3
sek156	134T 356C	12308G	U4
sek72, sek114	192T 256T 270T	12308G	U5a1
sek77	192T 256T 270T 311C	12308G	U5a1
sek136	192T 256T 270T 286T 320T	12308G	U5a1
sek132	092C 192T 256T 270T 291T 294T	12308G	U5a1
sek166, sek167	192T 256T 265T 270G 311C 362C	12308G	U5a1
sek176	256T 270T	12308G	U5a1a
sek130	189C 223T 292T	+10871MnII	W
sek178	223T 292T 362C	+10871MnII	W

11. táblázat A székey minták mutációs mintázata és haplocsoportjai.

#### 4.4. A magyar nyelvű populációk összehasonlítása

##### 4.4.1. Haplocsoportok

Mindegyik vizsgált recens populációban a nyugat-eurázsiai haplocsoportok dominálnak, bár az ázsiai vonalak is jelen vannak kis százalékban (12. táblázat). Az ázsiai vonalak aránya a legnagyobb a gyimesi populációban (két minta, 6,06%), míg a másik három populációban egy-egy minta, ami a moldvaiaknál a minták 4,35%-a, a székelyeknél 2,63%-a míg a magyaroknál 0,98%-a. Ezzel ellentétben a honfoglaló minták esetében bár szintén az európai vonalak vannak túlsúlyban, jóval nagyobb az ázsiaiak aránya. 8,1%-a a szekvenciáknak ázsiai haplocsoportba, míg további 8,11% az N1a haplocsoport ázsiai vonalába sorolható, így összesen 16,21% tartozik ázsiai vonalba. Még szembetűnőbb a különbség, ha a honfoglalók két csoportját tekintjük: a köznépi temetkezésből származó mintáknál egy szekvencia ázsiai (5,26%), míg a klasszikus honfoglalók esetében ez az arány 27,79%.

Minden általunk vizsgált populációban, akár a többi európai populációkban, a H haplocsoport a leggyakoribb, de eltérő arányban. A legnagyobb frekvenciával a moldvai csángóknál van jelen 43,48%-kal, ami az európai átlag közelében van (46%), de a magyar és székely populációk is megközelítik H haplocsoport Európában mért frekvencia tartományát (40-60%), bár valamivel alacsonyabb annál. Ennél viszont jelentősen alacsonyabb értéket kaptunk a honfoglalóknál (29,73%) és különösen a klasszikus honfoglaló csoportnál (27,78%), emellett a gyimesi csángók is igen alacsony, mindössze 27,27%-os arányt mutatnak a H haplocsoportra.

Európa szerte a második leggyakoribb az U haplocsoport. Míg a modern magyar, székely, moldvai csángó ill. az archaikus köznépi populáció megfelel az európai átlagnak (14%), a honfoglalók, és különösen a klasszikus honfoglalók esetében az U haplocsoport igen felülreprezentált. Ugyanez figyelhető meg a gyimesi csángóknál is.

Európában a harmadik leggyakoribb kládok a J és a T 11% ill. 8%-os frekvenciákkal. Ennek nagyjából megfelel a mai magyar és moldvai csángó populációban mért arány, míg a székelyeknél a T igen felülreprezentált (17,11%). Ezzel szemben Gyimesben csupán egy minta (3,03%) sorolható a T haplocsoportba. A J haplocsoport 10% körül mozog minden vizsgált populációban, kivéve a honfoglalókat, ahol nem találtunk J-be sorolható szekvenciát. A mai magyaroknál kiemelkedő a W 6,86%-os aránnyal, a székelyeknél és a gyimesiekénél a K 10,59% ill. 15,15%-os

Haplocsoportok	mai magyar	székely	gyimesi csángó	moldvai csángó	honfoglalók	klasszikus honfoglalók	köznépi sírok
A			3,03		2,70	5,56	
B					2,70	5,56	
C		2,63					
H	34,31	36,84	18,18	39,13	29,73	27,78	31,58
H1a	2,94		9,09	4,35			
HV	2,94	2,63			2,70		5,26
I	1,96	1,32			2,70		5,26
I2			3,03	4,35			
J	7,84	5,26	9,09				
J1	0,98		3,03				
J1a	0,98						
J1b1				4,35			
J2		1,32					
JT	1,96	2,63		4,35			
K	7,84	10,53	15,15	4,35			
M	0,98		3,03	4,35	2,70		5,26
N1a					8,11	16,67	
N1b			6,06		2,70		5,26
R					5,41	5,56	5,26
T	1,96	2,63			5,41	5,56	5,26
T1a	0,98	7,89		4,35			
T2	0,98	2,63			5,41		10,53
T2b	2,94		3,03				
T3	0,98	1,32		4,35			
T4		1,32					
T5		1,32					
U	3,92	2,63			5,41	11,11	
U2d			3,03				
U2e					2,70	5,56	
U3		2,63			2,70		5,26
U4	3,92	1,32	3,03	4,35	5,41	11,11	
U5	0,98						
U5a	1,96		6,06				
U5a1	1,96	9,21		4,35	5,41		10,53
U5a1a	1,96	1,32	9,09				
U5b	0,98		3,03	8,70			
U7					2,70		5,26
preV	0,98				2,70		5,26
V	5,88						
W	6,86	2,63		8,70			
X			3,03		2,70	5,56	
	100	100	100	100	100	100	100

12. táblázat A magyar nyelvű populációkban megállapított haplocsoport frekvenciák (%).

aránnal. Az általunk vizsgált modern magyar, székely és moldvai csángó szekvenciák között nem találtunk a honfoglalóknál jelen lévő N1a, N1b és X haplocsoportba sorolható haplotípusokat. A modern populációk közül csak Gyimesben volt jelen az N1b és X haplocsoport egy-egy mintánál, de az N1a itt is hiányzik. Irodalomban azonban található néhány N1a ill. X a magyarok között (Haak és mtsi, 2005; Reidla és mtsi, 2003; Lahermo és mtsi, 2000). Az ősi populációkban viszont nem találtunk J, K és W haplotípusú mintákat.

A modern populációk tehát mind európai jellegű haplocsoport megoszlást mutatnak. A moldvai csángók megoszlása a legkiegyenlítettebb, míg a többiekénél egy-egy haplocsoport túlsúlya figyelhető meg az átlaghoz képest. Ezekről jelentősen eltérnek a honfoglaló minták, különösen a klasszikus honfoglalók, ahol igen jelentős az ázsiai vonalak jelenléte, ill. az U haplocsoport dominanciája.

#### **4.4.2. Haplotípus azonosságok**

A magyar nyelvű populációkhoz tartozó mintákat haplotípus azonosságok alapján is összehasonlítottuk. Az egyes populációkban meghatározott haplotípusok száma a 13. táblázatban található. A haplotípusokat a HVSI 360 bp-os régióban található mutációk ill. a HVSII és a kódoló régióban kimutatott polimorfizmusok alapján határoztuk meg. Így az azonos HVSI motívummal rendelkező (pl. CRS), de eltérő HVSII és kódoló régiós polimorfizmusokat mutató szekvenciák külön haplotípusokat képviselnek. Megjegyzendő, hogy az ilyen szekvenciák gyakran eltérő haplocsoportba is tartoznak.

##### **4.4.2.1. Honfoglaló populáció**

A honfoglaló populáció a legtöbb szekvencia azonosságot a mai magyar mintákkal mutatja. Ez 14 magyar szekvenciát érint, ami az összes 13,73%-a. A magyar haplotípusoknak pedig 8,12%-áról mondható el, hogy már a honfoglaló populációban is jelen volt. Ez összesen három haplocsoportot érint (H, HV, T2). Az egyezést mutató szekvenciáknak azonban több mint a fele az általánosan elterjedt CRS-hoz tartozik. A másik oldalról nézve hat mitokondriális vonalról (18,18%) mondható el, hogy fennmaradt a honfoglalás kora óta, ami hét honfoglalás kori mintát jelent (18,92%). A



hét honfoglalás kori szekvencia közül öt a köznépi temetkezési csoportba tartozik (anc2, anc17, 91B, anc27 és anc11), és csupán kettő (anc21, anc25) az, ami a klasszikus honfoglalóktól származik. A székely mintákkal csupán két mitokondriális vonalban található egyezés (3,57%), de ebből is az egyik a CRS, míg a másik egy I haplocsoportba tartozó haplotípus (anc10). Így összesen hét székely szekvencia (9,21%), a CRS szekvenciákat leszámítva pedig csupán egyetlen egy haplotípus (sek173) volt fellelhető már a honfoglalás korában is (1,43%). A gyimesi csángók közül csupán egy, H haplocsoportba tartozó motívum (Gy3, Gy31) található meg a honfoglalóknál (anc17). A moldvai csángó minták között csak egy CRS szekvenciát találtunk, ami már a honfoglalóknál is jelen lehetett.

Az összes honfoglalóból összesen nyolc szekvencia (21%) jelenik meg valamelyik mai populációban, s ebből csak kettő (5,26%) tartozik a klasszikusokhoz, míg a többi a köznépi sírokból származó haplotípusok.

#### 4.4.2.2. *Recens populációk*

A legtöbb közös szekvencia a gyimesi és a magyar ill. székely haplotípusok között található. A gyimesi minták majdnem fele, 45,45%-a (15 szekvencia) és a haplotípusok 30%-a (hat szekvencia) egyezik meg valamely magyar, míg a minták 36,36%-a (12 szekvencia) és a haplotípusok 20%-a (4 szekvencia) valamely székely mintával. A magyar mintákkal egyező haplotípusok öt különböző haplocsoportba (H, J, K, T2b, U5a1), míg a székelyekkel megegyezők négy (J, K, T2b, U5a1) különböző haplocsoportba tartoznak. Ezzel szemben viszont a magyar mintáknak 14,71%-a, a székely szekvenciáknak pedig 7,89%-a található meg a gyimesi csángóknál. Ezt követi a magyar és székely minták közötti egyezések száma. Az Európában igen gyakori és általánosan előforduló CRS-val együtt 32 magyar szekvencia (31,37%) és 14 haplotípus (18,92%) található meg a székely populációban, míg a CRS szekvenciákkal együtt 24 székely szekvenciának (31,58%) van a magyar populációban megfelelője. A 14 egyező haplotípus a székely haplotípusok 25%-a. A modern populációk közül a legkevesebb egyezés a két csángó populáció között áll fenn, ahol nem találtunk azonos haplotípusokat. A moldvai csángó és a magyar ill. a székely populációk között csak a CRS szekvenciákban van egyezés.

A.

	honfoglaló	magyar	székely	gyimesi	moldvai
<b>honfoglaló</b>	*	7 (2)	3(2)	1	2 (2)
<b>magyar</b>	14 (8)	*	32 (8)	15	8 (8)
<b>székely</b>	7 (6)	24 (6)	*	6	6 (6)
<b>gyimesi</b>	2	15	12	*	0
<b>moldvai</b>	1 (1)	1 (1)	1 (1)	0	*

B.

	honfoglaló	magyar	székely	gyimesi	moldvai
<b>honfoglaló</b>	*	18,92	8,11	2,7	5,41
<b>magyar</b>	13,73	*	31,37	14,71	7,84
<b>székely</b>	9,21	31,58	*	7,89	7,89
<b>gyimesi</b>	6,06	45,45	36,36	*	0
<b>moldvai</b>	4,35	4,35	4,35	0	*

C.

	honfoglaló	magyar	székely	gyimesi	moldvai
<b>honfoglaló</b>	*	6	2	1	1
<b>magyar</b>	6	*	14	6	1
<b>székely</b>	2	14	*	4	1
<b>gyimesi</b>	1	6	4	*	0
<b>moldvai</b>	1	1	1	0	*

D.

	honfoglaló	magyar	székely	gyimesi	moldvai
<b>honfoglaló</b>	*	18,18	6,06	3,03	3,03
<b>magyar</b>	8,12	*	18,92	8,12	1,35
<b>székely</b>	3,57	25	*	7,14	1,78
<b>gyimesi</b>	5	30	20	*	0
<b>moldvai</b>	5	5	5	0	*

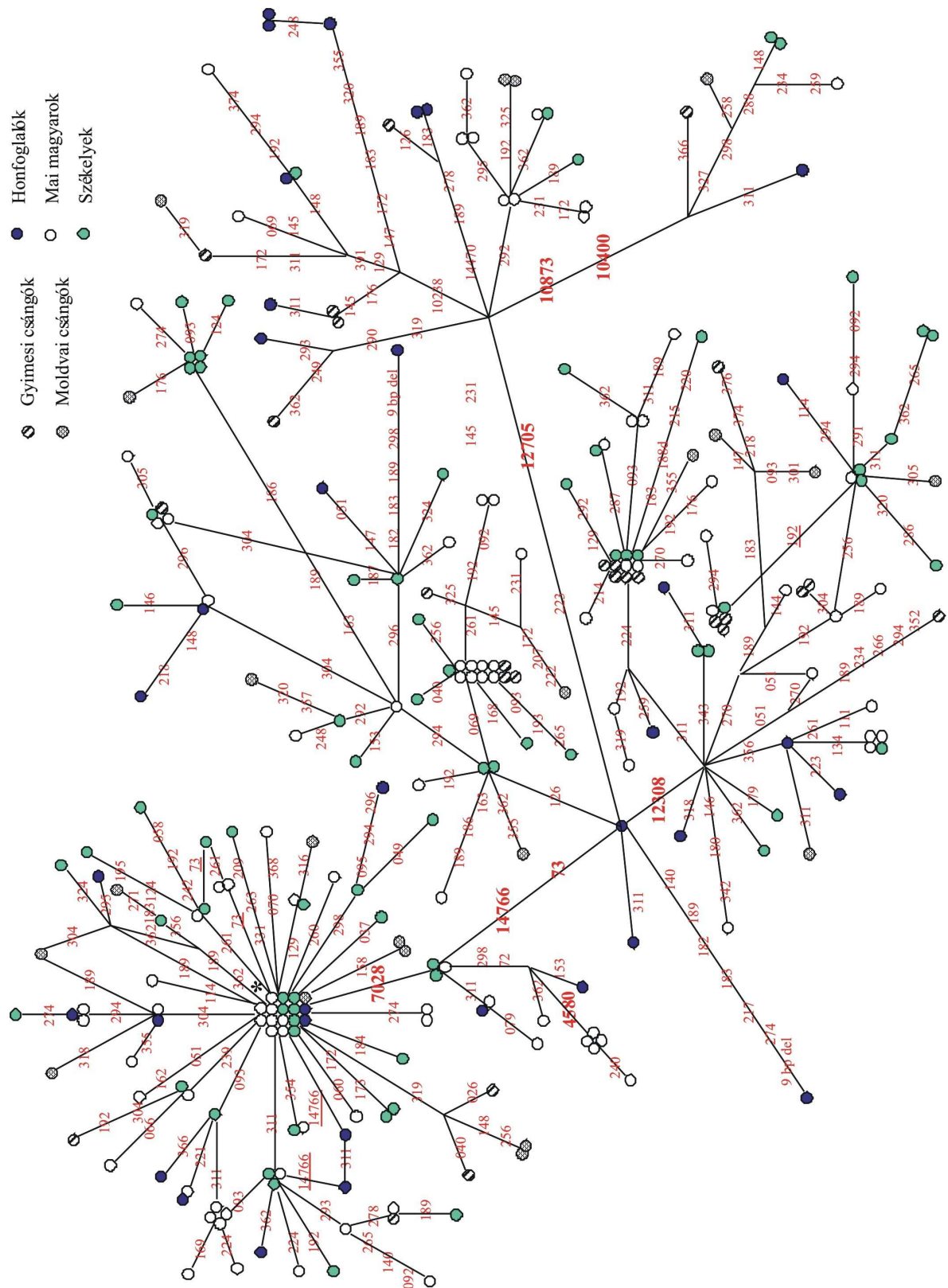
**13. táblázat** A magyar nyelvű populációk között a megegyező szekvenciák száma (A) és százalékos aránya (B) illetve haplotípusok száma (C) és százalékos arány (D) az adott populációban (függőleges oszlop) lévő összes szekvenciára illetve haplotípusra vonatkoztatva. Zárójelben a CRS-val megegyező szekvenciák száma található.

Így elmondható, hogy a modern populációk közül a magyar és székely minták között mutatható ki a legtöbb azonosság, míg a legegységesebb szekvenciák a moldvai csángók körében találhatók. Emellett a gyimesiek igen nagy azonossági arányt mutatnak a magyar és székely populációkkal.

#### 4.5. Filogenetikai hálózat

A vizsgálatba bevont magyar nyelvű populációkban azonosított haplotípusok közötti filogenetikai kapcsolatokat egy filogenetikai hálózatban foglaltuk össze (15. ábra). A filogenetikai hálózatban a szekvenciák jól elkülönülnek klaszterek szerint. Az egyes nukleotid pozíciókra alkalmazott eltérő súlyozás ellenére vannak olyan magas mutációs rátával rendelkező pozíciók, melyek homopláziát mutatnak, és ezért egy feloldhatatlan filogenetikai négyszöget alkotnak. Ilyen esetekben ugyanis nem eldönthető, hogy melyik mutáció következhetett be előbb a filogenezis során. Ilyen pozíciók a H haplocsoportnál a 16311, 16362, 16189 és 16093, az U haplocsoportnál a 16270 és 16051 valamint a T ágon a 16296 és 16304.

Minden populáció minden fő ágon megtalálható, egyik populáció képviselői sem alkotnak elkülönülő csoportot, nincsenek populáció specifikus klaszterek. Ez arra utal, hogy mindegyik csoport polifiletikus eredetű, különböző és igen változatos anyai vonalak alkotják. A honfoglaló haplotípusok nem különülnek el a modern mintáktól, azokkal azonos ágakon találhatók, de többnyire egyedi haplotípusokat képviselnek. Még inkább igaz ez a moldvai csángó mintákra, amelyek szintén többnyire különálló, egyedi haplotípusként jelennek meg a hálózatban. Ráadásul általában az ágak végén találhatók, nem mint filogenetikailag köztes haplotípusok. Ez a honfoglalók nagy részére is igaz. Ez azt mutatja, hogy a honfoglaló haplotípusok többnyire nem tekinthetők a modern szekvenciák ősi haplotípusainak. A magyar és székely haplotípusok között viszont jelentős hasonlóság tapasztalható. Számos közös haplotípust illetve köztes haplotípusokat találunk a két populáció között. A gyimesi haplotípusok egy része a magyar, székely szekvenciákkal közösek, másik részük azonban önálló haplotípusokat képvisel. A moldvai szekvenciákkal bár nagyjából azonos kládokban találhatók, nem találunk megegyező haplotípusokat, és közvetlen leszármazási kapcsolatot sem. Ez arra utalhat, hogy a két populáció anyai vonalai egymástól elszigetelten alakultak az utóbbi időben.



**15. ábra** A magyar nyelvű populációkban azonosított haplotípusok filogenetikai hálózata. A körök száma megegyezik az adott haplotípust képviselő szekvenciák számával. A\* a CRS-át jelöli. A fő ágakat definiáló HVSII és kódoló régiós polimorfizmusokat vastagon szedve jelöltük.

## 4.6. Populációgenetikai elemzés

### 4.6.1. Intrapopulációs mutatók értékelése

A általunk vizsgált magyar nyelvű populációkat néhány fontosabb statisztikai paraméter alapján is összehasonlítottuk. Az egyes populációkhoz tartozó egyedszámok ill. a megállapított haplotípusok száma az 14. táblázatban látható. A haplotípusok számát a HVSI szekvencia illetve a kódoló régiós mutációk alapján állapítottuk meg, míg a többi paraméter csak a HVSI régióra vonatkozik.

A legnagyobb gén diverzitás a honfoglalóknál figyelhető meg, tehát itt találjuk a legkevesebb azonos haplotípust, míg a legkevésbé változatosnak a gyimesi csángók bizonyultak. Ha a honfoglalókat két csoportban értékeljük, akkor viszont a klasszikus csoportnál figyelhető meg a legnagyobb genetikai diverzitás a szekvenciák tekintetében. A köznépi csoportban és a moldvai csángóknál ez az érték közel azonos, míg a mai magyarok és székelyek valamivel kisebb változatosságot mutatnak.

	mai magyar	székely	gyimesi	moldvai	honfoglaló	klasszikus	köznépi
egyedszám	102	76	33	23	37	18	19
haplotípusok száma	74	56	20	20	33	17	17
polimorfizmus szám	234	203/1d	92	79	118/2i	69/2i	45
polimorf pozíciók száma	64	62	38	43	48	34	25
nukleotid diverzitás	0,0129	0,015	0,0164	0,0199	0,0174	0,0203	0,0133
gén (szekvencia) diverzitás	0,9852	0,9874	0,9583	0,9881	0,9925	0,9935	0,9883
haplotípusok páronkénti átlagos különbsége	4,677	5,287	5,92	7,193	6,281	7,335	4,812

14. táblázat A magyar nyelvű populációk intrapopulációs paraméterei. i: inszerció, d: delécio.

Nukleotid szinten is a klasszikus honfoglalók mutatkoznak a legváltozatosabbnak, ez a csoport rendelkezik a legnagyobb nukleotid diverzitás értékkel és a páronkénti nukleotid eltérések száma is itt a legnagyobb. Mindkét paraméter tekintetében a második helyet a moldvai csángók foglalják el, míg őket követik a honfoglalók együtt. A lista végén a köznépi csoport ill. a mai magyarok állnak, náluk a legkisebb a nukleotid diverzitás és a páronkénti nukleotid eltérések száma is. Tehát minden szempontból a klasszikus honfoglalók mutatják a legnagyobb variabilitást, de a honfoglalók együtt is igen változatosnak tűnnek minden vizsgált paraméter tekintetében.

#### 4.6.2. Az AMOVA analízis értékelése

Annak érdekében, hogy a magyar nyelvű populációk genetikai szerkezetét és a populációk közötti kapcsolatrendszeret feltérképezzük, AMOVA analízist végeztünk. A populációkat különböző csoportokba osztottuk, és a csoportokra nézve meghatároztuk a csoportok közötti valamint az egyes csoportokon belül kovariancia komponensek arányát. Minél kisebb a csoporton belüli kovariancia, annál jobban megfelel a csoportosítás a valós genetikai szerkezetnek (15. táblázat).

Ha egy csoportként tekintjük a populációkat, akkor a variancia a populációk között 0,87%, ami kétszeresére nő, ha a köznépi és klasszikus mintákat különvesszük. A honfoglalók különböznek a modern populációktól, de a magyar+székely populációk és a honfoglalók sokkal eltérőbbek, mint a csángó és honfoglaló populációk. A két honfoglaló csoportot külön tekintve a köznépi gyakorlatilag teljesen belesimul a modern populációkba akár külön-külön, akár egy csoportban tekintjük azokat, jobban hasonlít azonban a magyar+székely, mint a csángó populációkhoz. Ezzel szemben a legnagyobb diverzitás minden esetben a klasszikus honfoglalók és a többi populáció között észlelhető. Így ez a populáció külön csoportot képvisel a genetikai szerkezetben. Jelentősen nagyobb diverzitást mutat azonban a magyar+székely csoporttól, mint a gyimesi+moldvaitól. Szintén jelentős a variancia, ha a klasszikus honfoglalókat és moldvaiakat nézzük a többi populációval szemben, tehát a moldvaiak is jelentősen eltérnek a többiektől. A moldvai jobban megváltoztatja a variancia értéket, mint a köznépi a modern populációk között, a köznépi gyakorlatilag nem különbözik a recens populációktól. Ennél jóval nagyobb variancia eltérést mutatnak együtt a honfoglalók, de főleg a klasszikusok térnek el a többiektől. Érdekes módon a moldvaiak gyakorlatilag nem különböznek a honfoglalóktól (-0,53%), ellentétben a gyimesiekkel, ahol 1,57%-os variancia figyelhető meg. A két csángó csoport között viszont szintén negatív variancia mérhető. Viszonylag alacsony (0,59%) a variancia a magyar+székely és a csángó populációk között, tehát a két modern csoport csak kismértékű eltérést mutat.

	Csoportok között	Populációk között csoporton belül	Populáción belül
Ma+Sz+Gy.+M.+ H.		0,87	99,13
Ma+Sz+Gy.+M.+ Kl.		1,94	98,06
Ma+Sz+Gy.+M.+Kö		0,27	99,73
Ma+Sz+Gy.+M.+ Kl.+Kö		1,68	98,32
Ma+Sz+Gy.+M. vs. H.	1,77	0,29	97,94
Ma+Sz+Gy.+M. vs. Kl.+Kö	1,46	1,24	97,3
Ma+Sz+Gy.+M. vs. Kö	-0,49	0,37	100,12
Ma+Sz+Gy.+M. vs. Kl.	8,29	0,27	91,44
Ma+Sz+Gy.+Kö. vs. Kl.+M	3,33	0,54	96,13
Ma+Sz vs. Gy.+M. vs. H.	1,25	0,02	98,73
Ma+Sz vs. Gy.+M. vs. Kl.+Kö	0,61	1,3	98,09
Ma+Sz vs. Gy.+M. vs. Kl.	3,09	-0,01	96,92
Ma+Sz vs. Gy.+M. vs. Kö	0,36	0,05	99,59
Ma vs. Sz+Gy.+M.	-0,67	0,84	99,83
Ma vs. Sz+Gy.+M. vs. H	0,15	0,75	99,1
Ma vs. Sz+Gy.+M. vs. Kl.+Kö	-0,9	2,44	98,45
Ma+Sz+Gy vs. M	0,53	0,3	99,18
Ma+Sz+Gy vs. M+H	1,4	0,22	98,37
Ma+Sz+Kö vs. Gy+M.	0,74	0	99,26
Ma+Sz vs. H.	2,59	-0,05	97,46
Ma+Sz. vs. Kl.+ Kö	1,7	1,7	96,6
Ma+Sz. vs. Kö	-0,16	0	100,16
Ma+Sz. vs. Kl.	9,88	-0,04	90,16
Ma+Sz vs. Gy.+M.	0,59	0,04	99,37
Gy.+M. vs. H.	0,85	-0,3	99,45
Gy.+M. vs. Kl.	4,92	-0,42	95,5
Gy.+M. vs. Kö	0,07	-0,11	100,04
Gy.+M. vs. Kl.+ Kö	-0,75	2,78	97,98
Gy. vs. M+ Kl.	0,23	2,14	97,63
Ma+Sz+Kö		-0,03	100,03
M+H		-0,53	100,53
Gy+H		1,57	98,43

**15. táblázat** A magyar nyelvű populációk közötti kovariancia komponensek a populációk különböző csoportosításakor. A negatív értékek a genetikai struktúra hiányára utalnak, aminek oka lehet, hogy a populációkon belül nagyobb variancia állapítható meg, mint a populációk között. Ma: mai magyar, Sz: székely, Gy: gyimesi csángó, M: moldvai csángó, H: honfoglaló, Kl: klasszikus honfoglalók, Kö: köznépi.

Földrajzi elhelyezkedés alapján is megvizsgáltuk a genetikai viszonyokat. Itt a székelyek a csángókkal kerültek egy csoportba. Gyakorlatilag nincs eltérés a csoportok

között (-0,67%), a variancia csoporton belül jóval nagyobb (0,84%), tehát földrajzi elhelyezkedés nem befolyásolja a genetikai viszonyokat. A székelyek inkább a mai magyar populációval, mint a földrajzilag közelebb fekvő csángóval sorolható egy csoportba, így a legkisebb a diverzitás.

A variancia alapján tehát a populációk a következő szerkezetet alkothatják: magyar+székely+köznépi, gyimes-moldvai-honfoglaló, klasszikus.

#### **4.6.3. Populációk közötti genetikai távolságok értékelése**

Az általunk vizsgált populációkat összehasonlítottuk 71 Európából és Ázsiából származó populáció szekvenciáival. Az egyes populációk, és a magyar nyelvű populációk összevetéséből kapott  $F_{st}$  értékek az 16. táblázatban olvashatók (Az összes  $F_{st}$  és  $p$  érték a Függelékben található).

Az  $F_{st}$  értékek alapján a honfoglalók negatív genetikai távolságot mutatnak a török, ukrán és moldvai csángó csoportokkal, ami annyit jelent, hogy ezen esetekben a populáción belüli variancia nagyobb, mint a populációk közötti. Igen alacsony genetikai távolságot ( $F_{st} < 0,01$ ) mutat még a szír, palesztin, a finnugor komi és moksa ill. a 13. századi kun populációktól. Ha külön tekintjük a klasszikus honfoglalókat a köznépi mintáktól, akkor az előbbieket a legközelebb ( $F_{st} < 0,05$ ) a közép-ázsiai (kazak, kirgiz, mongol, thonghai mongol, ujjur), közel-keleti (szír), valamint a török és a moldvai csángó népcsoportokhoz helyezkedik el. Ezek közül azonban csak a törökökkel, mongolokkal és moldvai csángókkal összehasonlítva nem szignifikáns ( $p > 0,05$ ) az  $F_{st}$ . A köznépi minták esetében ezzel szemben csupán 19 populációval szignifikáns a genetikai távolság, ezek többnyire a távol-keleti és közép-ázsiai népek, illetve a klasszikus honfoglalók is ide tartoznak.

A modern populációk közül a gyimesi csángók negatív  $F_{st}$ -t mutatnak a mari, moksa és ukrán populációkkal, míg számos, többnyire nyugat-eurázsiai népcsoporttal szemben mutat igen alacsony és nem szignifikáns  $F_{st}$  értéket. A moldvai csángók a vizsgált populációk nagy részéhez alacsony ( $F_{st} < 0,01$ ) és nem szignifikáns genetikai távolságot mutatnak, és csak a távol-keleti és közép-ázsiai ill. a mindenkitől távol eső populációkkal (evenki, lapp, nivkhi, európai-kaukázusi) szemben figyelhető meg szignifikáns távolság. A magyar és székely populációk a legtöbb nyugat-eurázsiai népcsoporttal negatív, vagy alacsony, nem szignifikáns  $F_{st}$ -t mutatnak.



magyar	iraki	szír	palesztin	örmény	azeri	észak-ozsét	bolgár	román	albán	olasz	szicíliai	szardíniai	portugál (D)
székely	0,0168	0,02116	0,01414	0,01148	0,0027	0,01887	0,00759	0,01266	0,06538	0,00955	0,01056	0,00523	0,01778
gyimesi	0,00942	0,01543	0,01038	0,00785	-0,0052	0,01291	-0,00069	-0,00013	0,04711	0,00177	0,00821	0,00437	0,01349
moldvai	0,01896	0,02073	0,01335	0,01263	0,01101	0,01736	0,01621	0,0206	0,06833	0,01634	0,0179	0,01305	0,01649
honfoglaló	0,00646	0,00229	0,00402	0,0022	-0,00623	-0,003	-0,00166	-0,0009	0,00381	0,00836	0,00775	0,00614	0,00441
klasszikus	0,01353	0,00839	0,00883	0,01553	0,01126	0,0161	0,02046	0,01915	0,06201	0,01871	0,01994	0,02118	0,01233
kőznép	0,06133	0,04407	0,05311	0,06328	0,06502	0,06262	0,09018	0,08417	0,10109	0,08392	0,10098	0,09683	0,06442
	0,00544	0,01648	0,00238	0,00949	-0,00689	0,01055	0,01084	0,01154	0,06861	0,00506	0,01353	0,00658	0,01882
magyar	spanyol (DK6)	galíciai	baszk	svájci	osztárai	lengyel	orosz	cseh	dán	svéd	norvég	izlandi	walesi
székely	0,00105	0,00418	0,01086	0,00381	0,00338	0,00521	0,00606	-0,00336	0,00558	-0,0015	0,00455	0,00933	0,00096
gyimesi	0,00077	0,01374	0,01872	0,0033	-0,00321	0,00641	0,00262	-0,00515	0,00146	-0,00129	0,00392	0,00741	0,00892
moldvai	0,00787	0,01311	0,02463	0,01356	0,01125	0,01058	0,01326	0,00736	0,01337	0,00561	0,00981	0,01455	0,00873
honfoglaló	-0,00195	0,01311	0,01879	0,01022	0,00029	0,00464	0,00171	0,0004	-0,00525	0,00796	0,00542	0,01554	0,01365
klasszikus	0,01765	0,02913	0,04712	0,02819	0,02374	0,01784	0,02214	0,02009	0,01834	0,02759	0,03148	0,03469	0,03608
kőznép	0,08311	0,11001	0,1537	0,112	0,09923	0,08907	0,09863	0,10212	0,09274	0,10331	0,11886	0,11747	0,13076
	0,00199	0,01708	0,03052	0,00614	0,00364	0,00608	0,00353	-0,00863	0,00737	-0,00408	0,00779	0,00268	0,01795
magyar	skót	észti	karéli	belga	angol	német	ír	kurd	francia	adigei	fehérorosz	boszegurin	bosnyák
székely	0,00516	0,00439	0,02021	0,01261	0,00316	0,00579	0,00181	0,0114	-0,00005	0,01403	0,01589	0,01975	0,00473
gyimesi	0,00515	0,0034	0,01162	0,01882	0,00275	0,00451	0,00463	0,00753	0,00346	0,01081	0,00461	0,0268	0,01096
moldvai	0,01124	0,00744	0,02121	0,02197	0,00974	0,01394	0,01446	0,01035	0,00904	0,01455	0,01455	0,03379	0,01055
honfoglaló	0,01157	-0,00043	-0,00108	0,01895	0,00509	0,00607	0,01148	-0,00874	0,00925	0,00923	-0,00438	0,03013	0,01053
klasszikus	0,03313	0,02044	0,02545	0,03935	0,02329	0,02537	0,03569	0,01186	0,02417	0,02006	0,01373	0,03942	0,02321
kőznép	0,11569	0,09464	0,09211	0,10748	0,10249	0,10555	0,12559	0,05741	0,10834	0,08069	0,06743	0,12519	0,10361
	0,00998	0,00311	0,02643	0,03652	0,00577	0,01349	0,01292	0,00845	0,00335	-0,00399	0,00728	0,05375	0,0042
magyar	burját	horvát	eu-kaukázusi	evenki	finn	görög	krétai	kazah	kirgiz-felföldi	kirgiz-alföldi	komi	mari	moksa
székely	0,13353	-0,00584	0,02618	0,24885	0,0229	0,00557	0,01119	0,06406	0,07673	0,13703	0,01932	0,00492	0,00482
gyimesi	0,14129	-0,00112	0,02424	0,2412	0,03138	-0,0006	0,00728	0,07059	0,07693	0,13345	-0,00257	-0,00967	-0,00511
moldvai	0,11828	0,00308	0,05318	0,2076	0,02867	0,01958	0,01997	0,04803	0,05109	0,10433	0,02937	-0,00841	-0,00003
honfoglaló	0,09754	-0,0032	0,06273	0,17396	0,006	0,00311	0,01584	0,03032	0,0273	0,07742	-0,00215	-0,00712	-0,01354
klasszikus	0,0919	0,02141	0,07623	0,1757	0,02069	0,02214	0,02349	0,02434	0,02645	0,0733	0,00744	0,03549	0,00745
kőznép	0,10059	0,10337	0,19874	0,1656	0,06675	0,08885	0,0998	0,03898	0,03798	0,07367	0,06797	0,10263	0,06931
	0,11439	-0,00169	0,0449	0,20787	0,03061	0,01338	0,00486	0,03983	0,05761	0,10452	0,01455	0,01702	-0,00055
magyar	mongol	obervalli	oszté	rétoromán	lapp	szerb	szlav. orosz	szlovák	török	ujgur	ukrán	grúz	nyvkhi
székely	0,06689	0,01501	0,03526	0,02614	0,15978	0,00378	0,0127	0,0003	0,01991	0,06932	-0,0038	0,02442	0,2569
gyimesi	0,07161	0,01533	0,03066	0,0186	0,14186	0,00639	0,00834	-0,00032	0,01211	0,07801	-0,01558	0,02535	0,23008
moldvai	0,04272	0,00456	0,0315	0,02064	0,1543	0,00559	0,00619	0,00603	0,01184	0,04959	-0,00525	0,02934	0,22751
honfoglaló	0,03825	-0,01391	0,014	0,00808	0,11555	0,00033	-0,00537	0,00246	-0,00548	0,03553	0,02062	0,01955	0,18949
klasszikus	0,03746	0,0015	0,03278	0,02044	0,13051	0,03215	0,0115	0,02195	-0,00353	0,03179	-0,00429	0,02572	0,21118
kőznép	0,04131	0,03858	0,07626	0,07001	0,15343	0,10804	0,06088	0,1019	0,02409	0,04798	0,0535	0,07226	0,21212
	0,03604	0,0257	0,02434	0,02701	0,16829	0,00508	0,01423	-0,00363	0,00782	0,05454	-0,01666	0,02	0,25454
magyar	japán I	japán2	thong. mongol	zheng. mongol	hobhot mongol	ösi kun	magyar	székely	gyimesi	moldvai	honfoglaló	klasszikus	kőznép
székely	0,16884	0,21062	0,1255	0,15763	0,11086	-0,00855	0	0	0	0	0	0	0
gyimesi	0,1657	0,19523	0,12867	0,1524	0,11575	-0,00382	0,00277	0,01528	-0,00374	-0,00947	0	0	0
moldvai	0,12844	0,15532	0,0872	0,11357	0,08095	0,00588	0,00777	0,0007	0,0175	0,02293	-	0	0
honfoglaló	0,10303	0,10679	0,06429	0,08305	0,06112	-0,01101	0,00777	0,02496	0,07806	0,02293	-	0	0
klasszikus	0,09215	0,10484	0,05625	0,07763	0,05606	0,00418	0,0274	0,10028	0,0367	0,02293	-	0	0
kőznép	0,06704	0,07461	0,04939	0,06709	0,05478	0,06991	0,11597	0,10028	0,0367	0,02293	-	0	0
	0,14074	0,16843	0,09385	0,1106	0,08782	0,01286	-0,00204	-0,00484	0,0367	0,02293	-	0	0

16. táblázat A magyar nyelvű populációk Fst adatai a többi populációval.

A magyar nyelvű populációkat egymással összevetve szignifikáns genetikai távolság található a klasszikus honfoglalók és az összes többi populáció között, kivéve a moldvai csángókat. Szintén szignifikáns a távolság a honfoglalók és a magyar ill. székely populációk között. A köznépi csoport az összes modern populációhoz, illetve az összes modern populáció egymás között nem mutat szignifikáns  $F_{st}$  értéket (17. táblázat).

	magyar	székely	gyimesi	moldvai	honfoglaló	klasszikus	köznépi
<b>magyar</b>	*	0,0028	0,0088	0,0078	0,0274	0,1160	-0,0020
<b>székely</b>	0,21	*	0,0153	0,0007	0,0250	0,1003	-0,0048
<b>gyimesi</b>	0,10	0,05	*	-0,0037	0,0175	0,0781	0,0037
<b>moldvai</b>	0,17	0,40	0,59	*	-0,0095	0,0229	-0,0028
<b>honfoglaló</b>	0,00	0,01	0,06	0,80	*	-	-
<b>klasszikus</b>	0,00	0,00	0,00	0,09	-	*	0,0902
<b>köznépi</b>	0,50	0,58	0,35	0,52	-	0,00	*

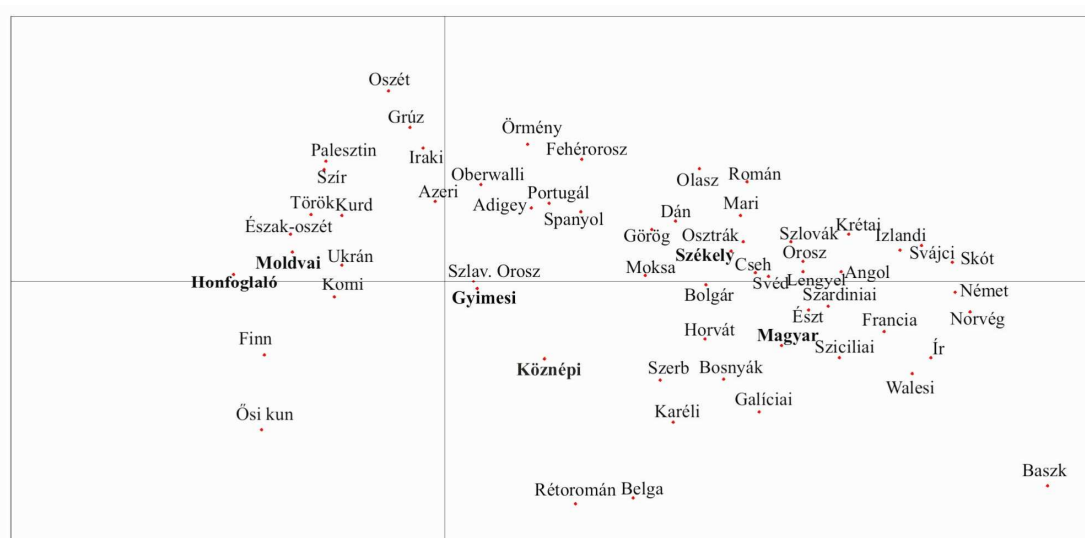
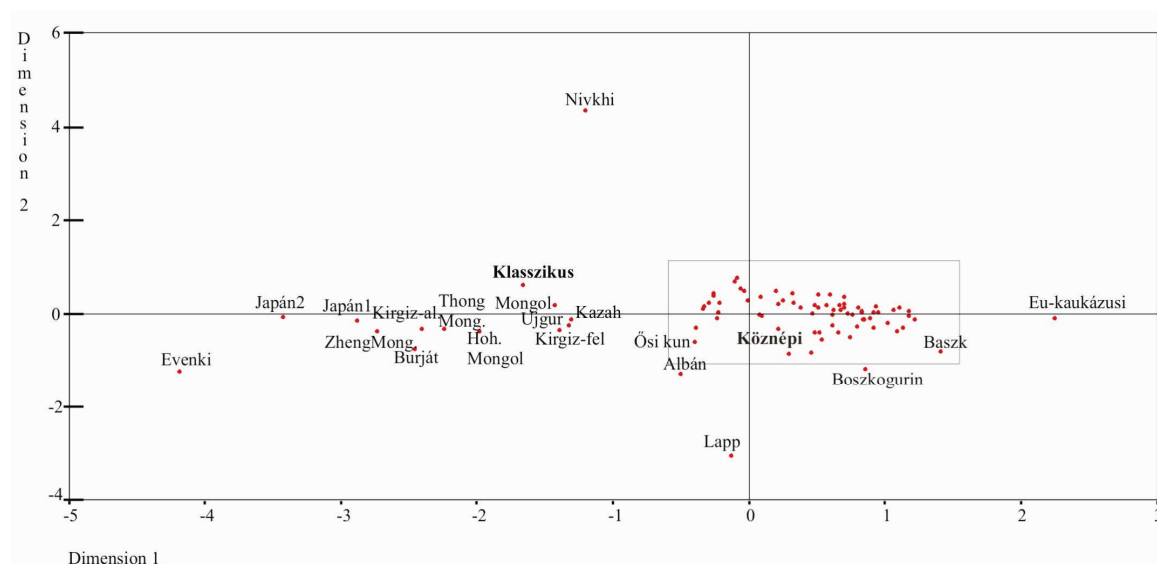
**17. táblázat** A magyar nyelvű populációk közti genetikai távolságok (harántvonal felett) és a p értékek (harántvonal alatt). A *dölt* értékek a szignifikáns távolságokat ( $p < 0,05$ ) jelölik.

Végül a genetikai távolságok alapján a populációk egymáshoz való viszonyát, rokonságát egy kétdimenzionális grafikonon ábrázoltuk (16. ábra). Az ábrán jól kivehetően a populációk egy kelet-nyugati tengely mentén helyezkednek el. Pozitív irányban az európai, míg negatív irányban az ázsiai népek találhatók. A legtöbb vizsgált populáció egy csoportba koncentrálódik, köztük a modern magyar és székely populációk. A közép-ázsiai népcsoportok ettől élesen elkülönülve található. Négy népcsoport, a lappok, evenkik, nivkhik és európai-kaukázusiak határozottan kilógnak a nagy földrajzi csoportokból. A honfoglaló populáció egy csoportba térképeződik a török, kurd, észak-oszét, szír, palesztin, valamint a moldvai csángó és a finnugor komi populációkkal, közel a 13. századi kunokhoz. Ez a csoport egy közép-ázsiai, valamint egy, a nyugat-eurázsiai populációkat magába foglaló nagyobb csoportok között található.

Ha külön tekintjük a honfoglalók két csoportját, a köznépi csoport a nyugat-eurázsiaiak szélén található a közel-keleti és kisázsiai népcsoportok irányában, legközelebb a gyimesi csángókhoz és a szlapon-oroszokhoz. Klasszikusok ettől jelentősen arrébb, a közép-ázsiai népcsoportok közelében helyezkednek el.

A gyimesiek a köznéphez hasonlóan a nyugat-eurázsiai ill. a kisázsiai, közel-keleti csoport között térképeződnek, a szlapon-országokhoz a legközelebb. A moldvaiak ennél keletebbre, a közel-keleti és kisázsiai csoportban helyezkednek el, török, kurd, észak-ország, ukrán, palesztin, szír valamint a finnugor komi és az összes honfoglaló mintát magába foglaló népcsoportokkal.

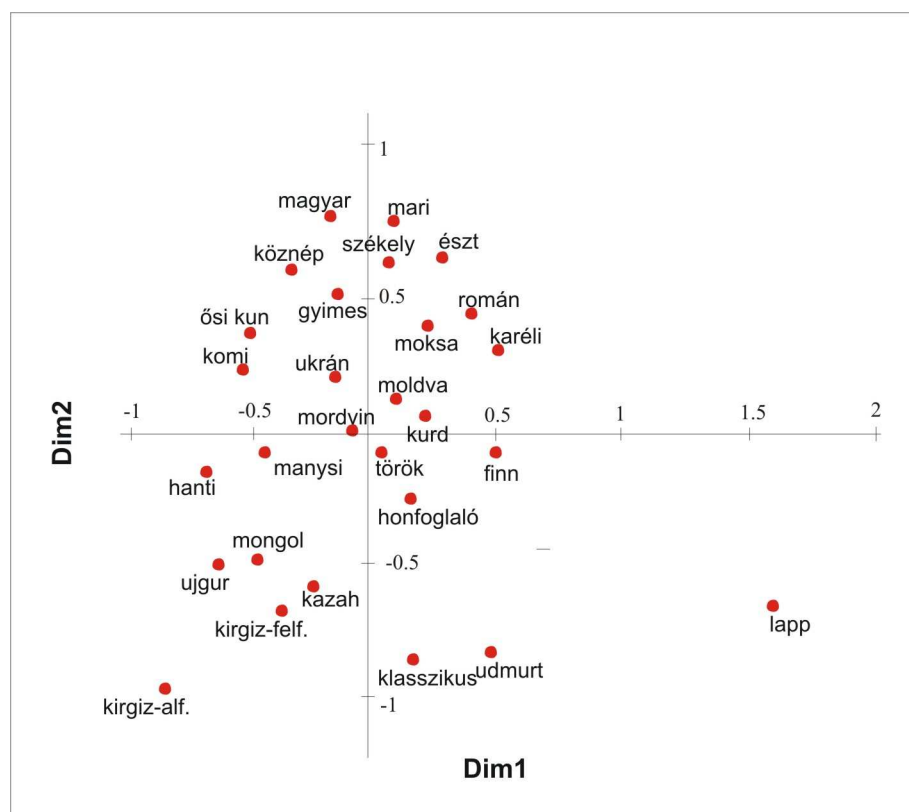
Összegezve a magyar és székely populációk kifejezetten európai jelleget mutatnak, ahogy ez a grafikonból is kiderül, kicsit keletebbre helyezkedne a gyimesi csángók, majd a moldvai csángók és a honfoglalók, végül jelentős közép-ázsiai hatásról árulkodik a klasszikus honfoglalók pozíciója a kétdimenziós ábrázoláson.



16. ábra Kétdimenziós grafikon a populációk közötti genetikai távolságok alapján (SPSS 5.0).

#### 4.6.3.1. A finnugor népcsoportok analízise

A továbbiakban szűkítettük a vizsgált populációk számát azokra a népcsoportokra, amelyek a magyar őstörténet, ill. történelmi és nyelvészeti adatok szempontjából érdekesek lehetnek. Itt néhány olyan népcsoportot is bevontunk az elemzésbe, amit az előzőekben az alacsony mintaszám miatt kihagytunk. Ilyenek a hanti (10 szekvencia), mordvin (nyolc szekvencia) és udmurt (két szekvencia). Ez alapján a klasszikus honfoglalók a szintén finnugor udmurtokkal a közép-ázsiai népcsoportok környékén helyezkednek el. A honfoglalók a török, kurd, valamint a hanti, manysi, mordvin és finn népcsoportokkal az közép-ázsiai és nyugat-eurázsiai populációk között térképeződnek, míg a moldvai csángók pedig a honfoglalók és gyimesiek között találhatók. A finnugor népcsoportok egy nagy része, együtt a mai magyar és székely populációkkal kifejezetten nyugat-eurázsiai jelleget mutatnak (17. ábra).



**17. ábra** Kétdimenziós grafikon a finnugor és néhány más populáció közötti genetikai távolságok alapján (XLSTAT 2006.3).

Az irodalomban általánosan elfogadott tény, hogy az eurázsiai anyai vonalak alakulásában elsősorban a geográfiai elhelyezkedés és nem a nyelvi kapcsolatok játszanak szerepet. Így a balti finnugor népcsoportok is jobban hasonlítanak földrajzi szomszédaikhoz, mint távolban élő nyelvrokonaikhoz. A Volga-Urál régióban élő népeknél pedig nagyobb mértékben kimutatható a kelet-ázsiai genetikai hatás. Így jobban hasonlítanak a szomszédos török népekre, mint a finnugor nyelvrokonokra (Bermisheva és mtsi, 2002; Malyarchuk és mtsi, 2004; Villems és mtsi, 2002). Mindezek ellenére a finnugor populációk anyai vonalainak túlnyomó része nyugat-eurázsiai haplocsoportokba tartozik. A legmagasabb kelet-ázsiai haplocsoport frekvencia az Udmurtoknál (20%), valamint az Urál keleti oldalán élő manysiknál figyelhető meg, de itt is csupán 37%.

## 5. Diszkusszió

Munkánk egyik célja az volt, hogy minél hatékonyabb módszert dolgozzunk ki a csontokból történő DNS kivonásra. Ennek érdekében többféle eljárással próbálkoztunk. Kezdetben a csontpor gyűjtés egy egyszerű fúrófejjel történt, amivel a csontot több helyen megfúrva jutottunk a használt mennyiségű csontporhoz. Ez bár hatékony, de kicsit körülményes módszernek bizonyult, amivel alkalmanként kb. 150-200 mg port tudtunk előállítani. Jelentős előrelépést jelentett egy golyós őrlőmalom beszerzése, amivel egy nagyobb csontdarab, zárt rendszerben dolgozható fel, és az előkészületek nélkül csupán 1-2 percet vesz igénybe. Így lehetőség nyílt akár több gramm (4-5g) csontpor előállítására egy művelettel, rövid idő alatt, s ami igen lényeges, a zárt tartály csökkenti az esetleges kontamináció veszélyét is. Az izolálási eljárásokat is hatékonyabbá tettük. Bevezettünk egy EDTA-val történő dekalcifikálási lépést az izolálási procedurát megelőzően. Az EDTA megkötö a csontban lévő  $\text{Ca}^{2+}$  ionokat, s fellazítja a csontok ásványi mátrixát, így jobban hozzáférhetővé teszi az oszteoblasztokat. Az izolálás során a kereskedelmi forgalomban kapható kiteket próbáltunk ki, melyek közül a DNeasy és Qiamp bizonyultak a leghatékonyabbnak. Itt a mosási eljárást követően egy jó tisztaságú DNS eluálható a szűrőről, ami mentes a szennyező és PCR gátló anyagoktól. Így sikerült a saját laboratóriumi környezetünkben igen jó hatékonysággal működő módszert beállítanunk, amely a nagyobb kiindulási csontpor mennyiséget, a dekalcifikálást ill. a kitek használatát foglalja magába.

Az archaikus munka során összesen 38, 10-11. századi csontlelet mitokondriális DNS mintázatát dolgoztunk fel. Eredményeink alapján a vizsgált populáció nagy heterogenitást mutat mind mitokondriális haplocsoport, mind haplotípus szinten. A vizsgált 38 minta összesen 33 különböző haplotípust képviselt és 19 haplocsoportba tudtuk besorolni. Ezt a számolt gén diverzitás is alátámasztja, amely a honfoglalóknál a legnagyobb a vizsgált magyar nyelvű populációk közül, tehát itt találjuk a legkevesebb azonos haplotípust. Habár a minták többsége (92%) európai haplocsoportba tartozik, három szekvencia kifejezetten ázsiai kládba sorolható. A haplotípus és haplocsoport analízis során kimutatható egy jelentős ázsiai genetikai hatás, illetve azoknak a népeknek a genetikai befolyása, akikkel a honfoglalók vándorlásuk során kapcsolatba kerültek.

Még szembetűnőbb a különbség, ha a honfoglalókat a temetkezési szokások alapján két csoportra osztjuk. A köznépi sírokból előkerült csontleletek haplocsoport megoszlása igen hasonlít egy átlagos európai populációéhoz. A minták között dominálnak a kifejezetten Nyugat-Euráziára jellemző haplocsoportok (H, T, R), és csak egy szekvencia sorolható Ázsiára jellemző kládba. Ezzel szemben a klasszikus honfoglalók sokkal heterogénebb megoszlással rendelkeznek. Ezt mutatja, hogy a magyar nyelvű populációk közül itt a legmagasabb a genetikai diverzitás. A köznéphez képest alacsonyabb a H, T, és R kládok előfordulása, viszont az U és különösen az N1a igen felülreprezentált. Ez utóbbi igen ritkán van jelen a modern populációkban világszerte (0,2%), és nem található meg az általunk vizsgált magyar nyelvű populációk egyikében sem – bár irodalmi adatok (Haak és mtsi, 2005) utalnak egy magyar N1a szekvenciára – a klasszikus honfoglalók között viszont 16% a frekvenciája. Összesen két ázsiai haplocsoportú mintát találtunk, de az összes N1a haplotípus a klád ázsiai ágát képviseli. Így igen jelentős, mintegy 28% az ázsiai vonalak jelenléte. Szemben a köznépi 5%-kal illetve a modern populációk 1-6%-ával. A genetikai távolságok és a kétdimenziós grafikon egyértelműen mutatja ezt a különbséget. A statisztikai analízis a honfoglaló populáció esetében kétségtelenül egy ázsiai genetikai hatást mutat. A genetikai távolságok alapján látható a rokonság a közép-ázsiai populációkkal. A kétdimenziós ábrázoláson pedig az ázsiai és európai csoportok között helyezkedik el, törökökhöz, ukránokhoz, kurdokhoz, észak-osztokhoz, moldvai csángókhoz és a finnugor komikhoz és finnekhez esik közel.

Ugyanez a határozott ázsiai befolyás nem figyelhető meg az antropológiai eredmények alapján, sőt semmiféle párhuzam nem mutatható ki az antropológiai és genetikai jellegek között.

Habár mind a honfoglalók, mind a klasszikusok szignifikáns különbséget mutatnak a vizsgált magyar nyelvű populációktól, nem alkot egyik sem külön filogenetikai klasztert, és mindegyik polifiletikus eredetet mutat.

A mai magyar és székely populáció gyakorlatilag jellegzetesen nyugat-eurázsiai jellegű mutató, kis mértékű ázsiai hatással, ami a székelyeknél magasabb (3%), mint a magyaroknál. (1%). Ezt a megállapítást alátámasztja mind a haplocsoport megoszlás – bár a haplocsoport megoszlásban kis eltérések mutatkoznak, a magyar populációban a W, míg a székelyeknél a T haplocsoport mutat lényegesen nagyobb gyakoriságot az európai átlaghoz képest – mind a statisztikai analízis, ahol mindkét populáció egyértelműen az európai népcsoportok között található. Ezek az eredmények

egybevágnak az eddig a témában született közlemények megállapításaival is (Lahermo és mtsi 2000; Egyed és mtsi, 2007; Bradstätter és mtsi, 2007). Bár Egyed a székeleyknél magasabb ázsiai haplocsoport frekvenciát írt le.

A csángó népcsoportok ettől némileg eltérő képet mutatnak. A haplocsoportok tekintetében kicsit magasabb az ázsiai vonalak aránya, mint a másik két populációnál (moldvai 4,3%, gyimesi 6%), bár a honfoglalókhöz képest jelentősen kisebb. Érdekes, hogy a modern populációkból a moldvai csángók mutatják a legkiegyenlítettobb haplocsoport megoszlást, és arányai, különösen a H klád, amely itt a legmagasabb a magyar nyelvűek között, hasonlítanak az Európában jellemző frekvenciákhoz. A moldvaiak gén diverzitása is a magyar és a székeley népcsoportokhoz áll legközelebb. Fst alapján a legtöbb populációval szemben nincs szignifikáns különbség, viszont a grafikonon a törökök mellett, kisázsiai és közel-keleti népekkel térképeződik. Ez a különbség látszik a filogenetikai hálózaton is, ahol bár a moldvaiak nem képviselnek különálló csoportot, de a többi haplotípusoktól külön találhatók. Az alacsony szignifikanciának oka lehet az alacsony mintaszám, a haplocsoport frekvenciáknak kicsit ellentmondó elhelyezkedésnek a grafikonon pedig az, hogy a moldvai haplotípusok még a H haplocsoportban is többnyire nem európai típusú mintázatot mutatnak. Így ez a terület további kutatásokat igényel, amely elsősorban a mintaszám növelését jelenti.

A gyimesi csángók ezzel szemben nem egy jellegzetes európai képet mutatnak. Még a honfoglalókénál is alacsonyabb a H haplocsoport frekvenciája (27,27%), igen magas viszont az U (24,24%), illetve az ezzel rokon K klaszter (15,15%) gyakorisága. A genetikai diverzitás is alacsonyabb, mint a többi modern populációé. Egyed és munkatársai még a székeleyknél említett cikkben gyimesi csángó mintákat is elemzett, s bár mi jóval kisebb mintaszámmal dolgoztunk (33 vs. 182), igen hasonló eredményeket kaptunk a haplocsoportok és a genetikai diverzitás tekintetében is. Annyi különbséggel, hogy az általunk elemzett minták között a K haplocsoport a második leggyakoribb (23,1%), és az U csak 15%. De mindkét mintában az átlaghoz képest jelentősen felülreprezentált a K klaszter. Az európai populációktól való különbözősége látszik a kétdimenziós ábrázoláson is, amely a nyugat-eurázsiai csoport keleti szélén, a Közel-Kelet és Kisázsia felé ábrázolja őket.

A populációk közötti haplotípus azonosságok alapján látható, hogy igen kis mértékű folytonosság figyelhető meg a 10-11. századi és a modern minták között. Az összes honfoglalóból összesen nyolc szekvencia (21%) jelenik meg valamelyik modern



populációban, s ebből csak kettő (5,26%) tartozik a klasszikusokhoz, míg a többi a köznépi sírokból származó haplotípusok. A legnagyobb arányú egyezés a magyar populációval figyelhető meg, míg a legkisebb a csángókkal. Ennek oka lehet, hogy míg a köznépi szekvenciák többnyire Európában napjainkban általánosan előforduló haplotípusok, és valószínű azok lehettek 1000 évvel ezelőtt is, addig a klasszikusok, de még akár a csángó szekvenciák is archaikusabb, kevésbé elterjedt haplotípusok, amelyekben viszont folytonosság nem, vagy csak nagyon kis mértékben mutatható ki.

A csángó populáció a különböző szempontok alapján eltérő jelleget mutat, részben a recens, részben az archaikus mintákhoz tűnik hasonlónak. Ezt a kettősséget jól láthatóvá teszi a kétdimenziós ábrázolás, ahol a moldvai és a gyimesi csángók a recens és az archaikus populációk között helyezkednek el, ami egyben egy geográfiai befolyást is jelez. A gyimesiek inkább az európaihoz, míg a moldvai a közel-keleti, kisázsiai populációkhoz áll közelebb. Ugyanakkor jelentős különbség figyelhető meg a két csángó populáció között, amely arra utal, hogy nincs különösebb közeli genetikai kapcsolat, rokonság köztük, bár az AMOVA analízis alapján a vizsgált magyar nyelvű populációk közül a két csángó populáció sorolható egy csoportba. Így, bár a moldvai csángók a gyimesiekhez állnak a legközelebb, az utóbbi időben valószínűleg egymástól függetlenül, izoláltan fejlődtek. A gyimesiek kifejezettebb genetikai kapcsolatot mutatnak a székelyekkel és akár még a magyarokkal is például a szekvencia egyezések alapján, bár a populáció szintű elemzés (AMOVA) ezt kevésbé támasztja alá. A moldvai populáció nem mutat szekvencia egyezést sem a többi modern, sem az archaikus populációhoz, míg a gyimesiek több azonosságot mutatnak a székely és magyar népcsoportokhoz is. A gyimesiek tehát különböznek az európai népcsoportoktól, kismértékű keleti befolyás érvényesül, de egyértelműen érvényesül a székely és a magyar kapcsolat még a populációk között fennálló földrajzi barrier ellenére is. Ezzel szemben a moldvai csángó populációban erős elszigeteltség jelei láthatók, nem igazán mutatható ki kapcsolat a többi magyar nyelvű populációval, bár még a gyimesi csángókhoz állnak a legközelebb.

Látható keletre tolódás, egyre nagyobb ázsiai hatás figyelhető meg a populációkban a magyar és székely, gyimesi csángó, moldvai csángó, honfoglaló, klasszikus honfoglaló sorrendben.

Bár a csángók viszonylag régen elszigetelve élnek a többi magyar nyelvű populációtól, ami genetikailag is látszik, és feltehetően archaikusabb elemeket hordoznak, a honfoglaló populáció közvetlen hatása nem látszik a genetikai

állományban. Bár több szempontból leginkább a honfoglalókra és a klasszikusokra hasonlítanak, ez inkább a későbbi korok történelmi eseményeinek és népvándorlásainak, valamint a már hosszú ideje fennálló elszigeteltség eredménye lehet, mint a honfoglalók közvetlen genetikai hatása (lásd szekvencia egyezés). Ennek oka lehet, hogy a moldvai csángó populáció kialakulása a Kárpátok keleti oldalán jóval korábbra tehető, mint a gyimesi csángóké. Így ősiabb populációnak tekinthető, amely jóval többet élt elszigeteltségben, mint bármely más magyar népcsoport. Ezek az eredmények nem támasztják alá azokat a feltételezéseket, miszerint a csángók a keleti végeken maradt honfoglalók közvetlen leszármazottjai lennének.

A finnugor populációkhoz képest egyedül az U haplocsoport viszonylag magas frekvenciája mutat hasonlóságot. Ezen belül is elsősorban az U4 haplocsoport jellemző a finnugorokra és gyakori a Volga-Urál régióban és Nyugat-Szibériában, valamint az U5 haplocsoport, ami főleg Északkelet-Európában gyakori. Az U4 a honfoglalók körében van jelen nagy arányban, míg az U5 a csángó és székely populációkra jellemző. Ezt leszámítva a finnugor populációk meglehetősen heterogén megoszlást mutatnak a mitokondriális vonalak tekintetében. Ez magyarázható azzal a megállapítással, hogy az anyai vonalak alakulásában elsősorban a földrajzi elhelyezkedés, és nem a nyelvi rokonsági kapcsolatok játszanak szerepet. Ezt a genetikai távolságok alapján a kétdimenziós grafikonon való elhelyezkedésük is jól mutatja.

A klasszikus honfoglalóknál megfigyelt arány nem meglepő, ha figyelembe vesszük egyrészt, hogy elődeink már a sztyeppéken is kapcsolatba kerültek indoeurópai nyelvet beszélő népekkel, pl. az alánokkal; másrészt, hogy irodalmi adatok vannak arra nézve, hogy a Volga és Urál vidéken élő finnugor populációk mitokondriális megoszlásában jelentős mértékben jelen vannak a nyugat-eurázsiai mitokondriális genetikai jellegek (Bermisheva és mtsi, 2002; Malyarchuk és mtsi, 2004). Ugyanez figyelhető meg a török nyelvet beszélő altáji populáció esetében (Derenko és mtsi, 2003). A magyarok vándorlása Európába csak egyike volt a számos, igen összetett és változatos népmozgásnak, melyek évezredekig keresztül zajlottak mindenféle irányba az eurázsiai sztyeppéken.

Azoknak a populációknak a genetikai hatása, akik közeli kapcsolatba kerültek a honfoglalókkal az Uráltól a Kárpát-medencéig tartó vándorlásuk során – kazárok, besenyők, onogur-bolgárok, szavírok, és az iráni nyelvet beszélő alánok – nyomokat hagytak a honfoglaló magyarok génállományában ugyanúgy, mint a magyar nyelvben és kultúrában is.

A mai magyarok több mint 1000 éves kulturális és nyelvi öröksége nem jelenti a genetikai folytonosságot, nagyon kismértékű a közvetlen genetikai rokonság a honfoglalók és a mai populációk között. Ez nem is csoda, mivel a honfoglalás óta eltelt évszázadokban népmozgások sokasága zajlott le a Kárpát-medencében, amely felhígította az eredeti magyar génállományt. Ez a folyamat kevésbé kifejezett a székelyek és főleg a csángók esetében, akik a déli és keleti népcsoportokkal mutattak több kapcsolatot. A mai magyar populáció genetikai állománya gyakorlatilag nem különbözik a szomszédos, Kárpát-medencében élő, de indoeurópai (főleg szláv) nyelveket beszélő népcsoportoktól. Érdekes viszont, hogy a 150 éves török megszállás ellenére a mai magyarok genetikai állománya anyai vonalon nem mutat közelebbi kapcsolatot a török populációval, míg a székelyek és főleg a csángók esetében jelentősebb török hatás figyelhető meg.

A honfoglalók teljesen különböznek a mai, Kárpát-medencében élő népcsoportoktól, bár a köznépi csoport sokkal közelebb áll ezekhez a populációkhoz (szlovák, horvát, szerb). Ez azt jelentheti, hogy a köznépi sírokban talált leletek valójában a magyarok érkezése előtt itt élő népességtől származhatnak, ahogy erre egyes történeti feltételezések is utalnak. Ennek a pontos tisztázásához azonban korabeli, jól definiált és biztosan az adott népcsoporttól származó mintákra lenne szükség, ugyanis a magyarokhoz hasonlóan a szomszédos népekre is hatással voltak az elmúlt idők migrációs folyamatai, így az ő mai genetikai állományuk sem feltétlenül tükrözi az ezer évvel ezelőtti állapotokat. Az adott korszakból azonban nem állnak rendelkezésünkre ilyen adatok, ami részben abból adódik, hogy a szegényes temetkezési mellékletek miatt ezeket az etnikumokat igen nehéz beazonosítani, továbbá a régészet nem minden esetben tud leletek alapján etnikumot meghatározni.

A klasszikus és a köznépi csoportok illetve a modern populációk eredményei alapján valószínűsíthető, hogy viszonylag kisszámú honfoglaló érkezett a Kárpát-medencébe, akik hamar keveredtek a már itt lévő népcsoportokkal (szlávok, avarok, germánok, stb). Hasonló eredményekre jutottak nukleáris markerek tanulmányozása során. Cavalli-Sforza (1994) szerint a modern magyarok 90%-ban európai, míg 10%-ban uráli géneket hordoznak. Ez azzal is egybevág, hogy a honfoglaló magyarok csak egy kis csoportot képviseltek a Kárpát-medencében a honfoglalást követően.

A tanulmány rámutat arra, hogy a magyarok nyelvi izolációja a Kárpát-medencében nem jelent egyben genetikai izolációt is. A szomszéd illetve vándorló népek hatással voltak a magyar génkészletre: a modern magyar génkészlet anyai vonala

magába foglalja azon populációk nyomait, amelyek az évszázadok alatt ebben a régióban éltek. A mai magyar populációban jelentős a szláv népcsoportok hatása (szlovák, cseh, ukrán, horvát), balkáni és nyugat-eurázsiai befolyással, míg a székelyek és főleg a csángók esetében a keleti és déli népcsoportok genetikai hatása jelentős.

## 6. Irodalomjegyzék

Anderson S., Bankier A.T., Barrell B.G., de Bruijn M.H., Coulson A.R., Drouin J., Eperon I.C., Nierlich D.P., Roe B.A., Sanger F., Schreier P.H., Smith A.J., Staden R., Young I.G. 1981. Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature* 290:457-65.

Andrews RM, Kubacka I, Chinnery PF, Lightowlers RN, Turnbull DM, Howell N. 1999. Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA. *Nat Genet* 23:147.

Baasner A, Schafer C, Junge A, Madea B. 1998. Polymorphic sites in human mitochondrial DNA control region sequences: population data and maternal inheritance. *Forensic Sci Int* 98:169-178.

Bálint Cs. 1989. *Die Archeology der Steppe*. Wien-Köln: Böhlau Verlag.

Bálint Cs. 1991. *Südungarn im 10. Jahrhundert*. *Studia Archaeologica* 11. Budapest: Akadémiai Kiadó.

Belledi M, Poloni ES, Casalotti R, Conterio F, Mikerezi I, Tagliavini J, Excoffier L. 2000. Maternal and paternal lineages in Albania and the genetic structure of Indo-European populations. *Eur J Hum Genet* 7:480-486.

Benkő E. 1992. Vélemények az eredetkérdésről In: *Rubicon* 1992/3 28-29.

Benkő L. 1992. Vélemények az eredetkérdésről In: *Rubicon* 1992/3 28-29.

Benerecetti A.S., Villems R., Semino O. 2004. Phylogeography of Y-chromosome haplogroup I reveals distinct domains of prehistoric gene flow in Europe. *Am J Hum Genet* 75:128-37.

Bermisheva M, Tambets K, Villems R, Khusnutdinova E. 2002. [Diversity of mitochondrial DNA haplotypes in ethnic populations of the Volga-Ural region of Russia]. *Mol Biol (Mosk)* 36:990-1001.

Berta A.–Róna-Tas A. 2002. Old Turkic Loan Words in Hungarian. *Acta Orientalia Academiae Scientiarum Hungaricae* 55:43-67.

Bogácsi-Szabó E, Kalmár T, Csányi B, Tömöry G, Czibula Á, Priskin K, Horváth F, Downes CS, Raskó I. 2005. Mitochondrial DNA of ancient Cumanians: Culturally Asian steppe nomadic immigrants with substantially more western Eurasian mitochondrial DNA lineages. *Hum Biol* 77:639-662.

Bóna I. 1990. Zeit der ungarisch-slawischen Zusammenlebens (895-1172). In: Köpeczi B, editor. *Kurze Geschichte Siebenbürgens*. Budapest : Akadémiai Kiadó. p 109-174.

Bóna I. 1992. A székelyek eredete. In: *Rubicon* 1992/3 27.

- Bóna I. 2000. A magyarok és Európa a 9-10. században. Budapest: MTA Történettudományi Intézete.
- Brandstätter A., Egyed B., Zimmermann B., Duftner N., Padar Z., Parson W. 2007. Migration rates and genetic structure of two Hungarian ethnic groups in Transylvania, Romania. *Ann Hum Genet* 71:791-803.
- Brown W.M., George M. Jr, Wilson A.C. 1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proc Natl Acad Sci U S A* 76:1967-71.
- Calafell F, Underhill P, Tolun A, Angelicheva D, Kalaydjieva L. 1996. From Asia to Europe: mitochondrial DNA sequence variability in Bulgarians and Turks. *Ann Hum Genet* 60:35-49.
- Cali F, Le Roux MG, D'Anna R, Flugy A, De Leo G, Chiavetta V, Ayala GF, Romano V. 2001. MtDNA control region and RFLP data for Sicily and France. *Int J Legal Med* 114:229- 231.
- Cann R.L., Stoneking M., Wilson A.C. 1987. Mitochondrial DNA and human evolution. *Nature* 325:31-6.
- Cavalli-Sforza LL, Menozzi P, Piazza A. 1994. The History and Geography of Human Genes. Princeton, New Jersey: Princeton University Press.
- Chen J, Sokal RR, Ruhlen M. 1995. Worldwide analysis of genetic and linguistic relationships of human populations. *Hum Biol* 67:595-612.
- Coble MD, Just RS, O'Callaghan JE, Letmanyi IH, Peterson CT, Irwin JA, Parsons TJ. 2004. Single nucleotide polymorphisms over the entire mtDNA genome that increase the power of forensic testing in Caucasians. *Int J Legal Med.* 118:137-146.
- Comas D, Calafell F, Mateu E, Perez-Lezaun A, Bosch E, Martinez-Arias R, Clarimon J, Facchini F, Fiori G, Luiselli D, Pettener D, Bertranpetit J. 1998. Trading genes along the silk road: mtDNA sequences and the origin of central Asian populations. *Am J Hum Genet* 63:1824-1838.
- Corte-Real HB, Macaulay VA, Richards MB, Hariti G, Issad MS, Cambon-Thomsen A, Papiha S, Bertranpetit J, Sykes BC. 1996. Genetic diversity in the Iberian Peninsula determined from mitochondrial sequence analysis. *Ann Hum Genet* 60:331-350.
- Decorte R. 1996. Genetic analysis of single hair shafts by automated sequence analysis of the mitochondrial d-loop region. *Adv Forensics Haemogenet* 6:17-19.
- Derenko MV, Grzybowski T, Malyarchuk BA, Dambueva IK, Denisova GA, Czarny J, Dorzhu CM, Kakpakov VT, Miscicka-Sliwka D, Wozniak M, Zakharov IA. 2003. Diversity of mitochondrial DNA lineages in South Siberia. *Ann Hum Genet* 67:391-411.

Dimo-Simonin N, Grange F, Taroni F, Brandt-Casadevall C, Mangin P. 2000. Forensic evaluation of mtDNA in a population from south west Switzerland. *Int J Legal Med* 113:89- 97.

Diószegi I.-Fodor I.-Legeza J. 1996. *Őseink nyomában*. Budapest:

Diószegi L. A moldvai csángók története és jelene [www.csango.hu/download/dioszegi-tanulmany.doc](http://www.csango.hu/download/dioszegi-tanulmany.doc)

Di Rienzo A, Wilson AC. 1991. Branching pattern in the evolutionary tree for human mitochondrial DNA. *Proc Natl Acad Sci USA* 88:1597- 1601.

Domokos P.P. 2001. *A moldvai csángó magyarság*. Budapest: Fekete Sas Kiadó

Dubut V, Chollet L, Murail P, Cartault F, Beraud-Colomb E, Serre M, Mogentale-Profizi N. 2004. mtDNA polymorphisms in five French groups: importance of regional sampling. *Eur J Hum Genet* 12:293-300.

Egyed B., Brandstätter A., Irwin J., Padar Z., Parsons T., Parson W. 2007. Mitochondrial control region sequence variations in the Hungarian population: Analysis of population samples from Hungary and from Transylvania (Romania). *FSI: Genetics* 1: 158-162

Eyre-Walker A., Smith N.H., Smith J.M. 1999. How clonal are human mitochondria? *Proc R Soc Lond B Biol Sci* 266:477-483.

Fernández-Silva P., Enriquez J.A., Montoya J. 2003. Replication and transcription of mammalian mitochondrial DNA. *Exp Physiol* 88:41-56. Review.

Finnila S, Lehtonen MS, Majamaa K. 2001. Phylogenetic network for European mtDNA. *Am J Hum Genet* 68:1475-1484.

Fodor I. 1982. *In Search of a New Homeland. The Prehistory of the Hungarian People and the Conquest*. Budapest: Corvina Press.

Fodor I. 1992. A kettős honfoglalás. In: *Rubicon* 1992/3 24-26.

Francalacci P, Bertranpetit J, Calafell F, Underhill PA. 1996. Sequence diversity of the control region of mitochondrial DNA in Tuscany and its implications for the peopling of Europe. *Am J Phys Anthropol* 100:443-460.

Gilbert MT, Hansen AJ, Willerslev E, Rudbeck L, Barnes I, Lynnerup N, Cooper A. 2003a. Characterization of genetic miscoding lesions caused by postmortem damage. *Am J Hum Genet* 72:48-61.

Gilbert MT, Willerslev E, Hansen AJ, Barnes I, Rudbeck L, Lynnerup N, Cooper A. 2003b. Distribution patterns of postmortem damage in human mitochondrial DNA. *Am J Hum Genet* 72:32-47.

Gonzalez AM, Brehm A, Perez JA, Maca-Meyer N, Flores C, Cabrera VM. 2003. Mitochondrial DNA affinities at the Atlantic fringe of Europe. *Am J Phys Anthropol* 120:391-404.

Guglielmino C.R., Béres J. 1996. Genetic structure in relation to the history of Hungarian ethnic groups. *Hum Biol* 68:335-355.

Guglielmino C.R., De Silvestri A., Béres J. 2000. Probable ancestors of Hungarian ethnic groups: an admixture analysis. *Ann Hum Genet* 64:145-159.

Haak W, Forster P, Bramanti B, Matsumura S, Brandt G, Tänzer M, Villems R, Renfrew C, Gronenborn D, Alt KW, Burger J. 2005. Ancient DNA from the first European farmers in 7500-year-old Neolithic sites. *Science* 310:1016-1018.

Haak W. 2006. Populationsgenetik der ersten Bauern Mitteleuropas: Eine aDNA-Studie an neolithischem Skelettmaterial. Inauguraldissertation zur Erlangung des Akademischen Grades eines Dr. phil. p 36.

Hagelberg E., Goldman N., Lió P., Whelan S., Schiefenhövel W., Clegg J.B., Bowden D.K. 1999. Evidence for mitochondrial DNA recombination in a human population of island Melanesia. *Proc R Soc Lond B Biol Sci* 266:485-492.

Hagelberg E., Goldman N., Lió P., Whelan S., Schiefenhövel W., Clegg J.B., Bowden D.K. 2000. Evidence for mitochondrial DNA recombination in a human population of island Melanesia: correction. *Proc R Soc Lond B Biol Sci* 267:1595-1596.

Helgason A, Sigurðardóttir S, Gulcher JR, Ward R, Stefánsson K. 2000. mtDNA and the origin of the Icelanders: deciphering signals of recent population history. *Am J Hum Genet* 66:999- 1016.

Helgason A, Hickey E, Goodacre S, Bosnes V, Stefansson K, Ward R, Sykes B. 2001. mtDNA and the islands of the North Atlantic: estimating the proportions of Norse and Gaelic ancestry. *Am J Hum Genet* 68:723-737.

Herrnstadt C, Elson JL, Fahy E, Preston G, Turnbull DM, Anderson C, Ghosh SS, Olefsky JM, Beal MF, Davis RE, Howell N. 2002. Reduced-median-network analysis of complete mitochondrial DNA coding-region sequences for the major African, Asian, and European haplogroups. *Am J Hum Genet* 70:1152-1171.

Hofmann S, Jaksch M, Bezold R, Mertens S, Aholt S, Paprotta A, Gerbitz KD. 1997. Population genetics and disease susceptibility: characterization of central European haplogroups by mtDNA gene mutations, correlation with D loop variants and association with disease. *Hum Mol Genet* 6:1835-1846.

Hofreiter M, Serre D, Poinar HN, Kuch M, Pääbo S. 2001. Ancient DNA. *Nat Rev Genet* 2:353-9. Review.

Ingman M., Kaessmann H., Pääbo S., Gyllensten U. 2000. Mitochondrial genome variation and the origin of modern humans. *Nature* 408:708-13.



Kaessmann H, Zollner S, Gustafsson AC, Wiebe V, Laan M, Lundeberg J, Uhlen M, Paabo S. 2002. Extensive linkage disequilibrium in small human populations in Eurasia. *Am J Hum Genet* 70:673-685.

Kaestle F.A. and Horsburgh K.A. 2002. Ancient DNA in anthropology: methods, applications, and ethics. *Am J Phys Anthropol Suppl* 35:92-130. Review.

Kalmár T, Bachrati CZ, Marcsik A, Rasko I. 2000. A simple and efficient method for PCR amplifiable DNA extraction from ancient bones. *Nucleic Acids Res.* 28:E67.

Kivisild T., Tolk H.V., Parik J., Wang Y., Papiha S.S., Bandelt H.J., Villems R. 2000. The emerging limbs and twigs of the East Asian mtDNA tree. *Mol Biol Evol* 19:1737–1751.

Kivisild T, Reidla M, Metspalu E, Rosa A, Brehm A, Pennarun E, Parik J, Geberhiwot T, Usanga E, Villems R. 2004. Ethiopian mitochondrial DNA heritage: tracking gene flow across and around the gate of tears. *Am J Hum Genet.* 75:752-770.

Kolman CJ, Sambuughin N, Bermingham E. 1996. Mitochondrial DNA analysis of Mongolian populations and implications for the origin of New World founders. *Genetics* 142:1321-1334.

Kong Q.P., Yao Y.G., Liu M., Shen S.P., Chen C., Zhu C.L., Palanichamy M.G., Zhang Y.P. 2003. Mitochondrial DNA sequence polymorphisms of five ethnic populations from northern China. 2003. *Hum Genet* 113:391-405.

Kristó Gy. 1992. Vélemények az eredetkérdésről In: *Rubicon* 1992/3 28-29.

Lahermo P, Sajantila A, Sistonen P, Lukka M, Aula P, Peltonen L, Savontaus ML. The genetic relationship between the Finns and the Finnish Saami (Lapps): analysis of nuclear DNA and mtDNA. 1996. *Am J Hum Genet* 58:1309-22.

Lahermo P., Laitinen V., Sistonen P., Beres J., Karcagi V., Savontaus M.L. 2000. MtDNA polymorphism in the Hungarians: comparison to three other Finno-Ugric-speaking populations. *Hereditas* 132:35-42.

Larruga JM, Diez F, Pinto FM, Flores C, Gonzalez AM. 2001. Mitochondrial DNA characterisation of European isolates: the Maragatos from Spain. *Eur J Hum Genet* 9:708- 716.

Loogväli E.L., Roostalu U., Malyarchuk B.A., Derenko M.V., Kivisild T., Metspalu E., Tambets K., Reidla M., Tolk H.V., Parik J., Pennarun E., Laos S., Lunkina A., Golubenko M., Barac L., Pericic M., Balanovsky O.P., Gusar V., Khusnutdinova E.K., Stepanov V., Puzyrev V., Rudan P., Balanovska E.V., Grechanina E., Richard C., Moisan J.P., Chaventré A., Anagnou N.P., Pappa K.I., Michalodimitrakakis E.N., Claustres M., Gölge M., Mikerezi I., Usanga E., Villems R. 2004. Disuniting uniformity: a pied cladistic canvas of mtDNA haplogroup H in Eurasia. *Mol Biol Evol* 21:2012-21.

- Lutz S, Weisser HJ, Heizmann J, Pollak S. 1998. Location and frequency of polymorphic positions in the mtDNA control region of individuals from Germany. *Int J Legal Med* 111:67-77.
- Maca-Meyer N, Gonzalez AM, Larruga JM, Flores C, Cabrera VM. 2001. Major genomic mitochondrial lineages delineate early human expansions. *BMC Genet* 2:13.
- Macaulay V., Richards M., Sykes B. 1999a. Mitochondrial DNA recombination-no need to panic. *Proc R Soc Lond B Biol Sci* 266:2037-2039.
- Macaulay V, Richards M, Hickey E, Vega E, Cruciani F, Guida V, Scozzari R, Bonne-Tamir B, Sykes B, Torroni A. 1999b. The emerging tree of West Eurasian mtDNAs: a synthesis of control-region sequences and RFLPs. *Am J Hum Genet* 64:232-249.
- Magyar Néprajzi Lexikon. Csángók. [mek.oszk.hu/02100/02115/html/1-1203.html](http://mek.oszk.hu/02100/02115/html/1-1203.html)
- Magyar Néprajzi Lexikon. Gyimesi csángók. [mek.oszk.hu/02100/02115/html/2-827.html](http://mek.oszk.hu/02100/02115/html/2-827.html)
- Magyar Néprajzi Lexikon. Moldvai magyarok. [mek.oszk.hu/02100/02115/html/3-1865.html](http://mek.oszk.hu/02100/02115/html/3-1865.html)
- Malyarchuk BA, Derenko MV. 2001. Mitochondrial DNA variability in Russians and Ukrainians: implication to the origin of the Eastern Slavs. *Ann Hum Genet* 65:63- 78.
- Malyarchuk BA, Grzybowski T, Derenko MV, Czarny J, Wozniak M, Miscicka-Sliwka D. 2002. Mitochondrial DNA variability in Poles and Russians. *Ann Hum Genet* 66:261-283.
- Malyarchuk BA. 2004. Differentiation of the mitochondrial subhaplogroup U4 in populations of Eastern Europe, Ural and Western Siberia: Implication to the genetic history of the Uralic populations. *Russian J Genetics* 40:1281-1287.
- McEvoy B, Richards M, Forster P, Bradley DG. 2004. The Longue Duree of genetic ancestry: multiple genetic marker systems and Celtic origins on the Atlantic facade of Europe. *Am J Hum Genet* 75:693-702.
- Meyer S, Weiss G, von Haeseler A. 1999. Pattern of nucleotide substitution and rate heterogeneity in the hypervariable regions I and II of human mtDNA. *Genetics* 152:1103-1110.
- Mesterházy K. 1996. A honfoglaló magyarok társadalma és a régészet. Szombathely: Életünk 1996. p 768-795.
- Mesterházy K. 1997. A honfoglaló magyarok tárgyi emlékei. Szombathely: Életünk 1997. p 30-6757.
- Mogentale-Profizi N, Chollet L, Stevanovitch A, Dubut V, Poggi C, Pradie MP, Spadoni JL, Gilles A, Beraud-Colomb E. 2001. Mitochondrial DNA sequence diversity in two groups of Italian Veneto speakers from Veneto. *Ann Hum Genet* 65:153- 166.

Opdal SH, Rognum TO, Vege A, Stave AK, Dupuy BM, Egeland T. 1998. Increased number of substitutions in the D-loop of mitochondrial DNA in the sudden infant death syndrome. *Acta Paediatr* 87:1039-1044.

Orekhov V, Poltoraus A, Zhivotovsky LA, Spitsyn V, Ivanov P, Yankovsky N. 1999. Mitochondrial DNA sequence diversity in Russians. *FEBS Lett* 445:197- 201.

Pakendorf B. and Stoneking M. 2005. Mitochondrial DNA and human evolution. *Annu Rev Genomics Hum Genet* 6:165-183. Review.

Palanichamy M.G., Sun C., Agrawal S., Bandelt H.J., Kong Q.P., Khan F., Wang C.Y., Chaudhuri T.K., Palla V., Zhang Y.P. 2004. Phylogeny of mitochondrial DNA macrohaplogroup N in India, based on complete sequencing: implications for the peopling of South Asia. *Am J Hum Genet* 75:966-78.

Parson W, Parsons TJ, Scheithauer R, Holland MM. 1998. Population data for 101 Austrian Caucasian mitochondrial DNA d-loop sequences: application of mtDNA sequence analysis to a forensic case. *Int J Legal Med* 111:124-132.

Passarino G, Cavalleri GL, Lin AA, Cavalli-Sforza LL, Borresen-Dale AL, Underhill PA. 2002. Different genetic components in the Norwegian population revealed by the analysis of mtDNA and Y chromosome polymorphisms. *Eur J Hum Genet* 10:521-529

Pääbo S, Poinar H, Serre D, Jaenicke-Despres V, Hebler J, Rohland N, Kuch M, Krause J, Vigilant L, Hofreiter M. 2004. Genetic analyses from ancient DNA. *Annu Rev Genet* 38:645-79. Review.

Pereira L, Prata MJ, Amorim A. 2000. Diversity of mtDNA lineages in Portugal: not a genetic edge of European variation. *Ann Hum Genet* 64:491- 506.

Perićić M., Barać Lauc L., Martinović Klarić I., Janićijević B., Rudan P. 2005. Review of Croatian genetic heritage as revealed by mitochondrial DNA and Y chromosomal lineages. *Croat Med J* 46:502-13. Review.

Pfeiffer H, Brinkmann B, Huhne J, Rolf B, Morris AA, Steighner R, Holland MM, Forster P. 1999. Expanding the forensic German mitochondrial DNA control region database: genetic diversity as a function of sample size and microgeography. *Int J Legal Med* 112:291-298.

Piercy R, Sullivan KM, Benson N, Gill P. 1993. The application of mitochondrial DNA typing to the study of white Caucasian genetic identification. *Int J Legal Med* 106:85-90.

Pult I, Sajantila A, Simanainen J, Georgiev O, Schaffner W, Paabo S. 1994. Mitochondrial DNA sequences from Switzerland reveal striking homogeneity of European populations. *Biol Chem Hoppe Seyler* 375:837-840

Quintana-Murci L., Chaix R., Wells R.S., Behar D.M., Sayar H., Scozzari R., Rengo C., Al-Zahery N., Semino O., Santachiara-Benerecetti A.S., Coppa A., Ayub Q., Mohyuddin A., Tyler-Smith C., Qasim Mehdi S., Torroni A., McElreavey K. 2004. Where west meets east: the complex mtDNA landscape of the southwest and Central Asian corridor. *Am J Hum Genet* 74:827-45.

Regino. 1890. *Reginos Abbatis Prumiensis chronicon*. In: Regino-Pertz GH editors. *Monumenta Germaniae historica Scriptores verum Germanicarum in usum Scholarum Hannoverae-Lipsiae*: I. F. Kurze p 131-133.

Reidla M., Kivisild T., Metspalu E., Kaldma K., Tambets K., Tolk H.V., Parik J., Loogväli E.L., Derenko M., Malyarchuk B., Bermisheva M., Zhadanov S., Pennarun E., Gubina M., Golubenko M., Damba L., Fedorova S., Gusar V., Grechanina E., Mikerezi I., Moisan J.P., Chaventré A., Khusnutdinova E., Osipova L., Stepanov V., Voevoda M., Achilli A., Rengo C., Rickards O., De Stefano G.F., Papiha S., Beckman L., Janicijevic B., Rudan P., Anagnou N., Michalodimitrakakis E., Koziel S., Usanga E., Geberhiwot T., Herrnstadt C., Howell N., Torroni A., Villems R. 2003. Origin and diffusion of mtDNA haplogroup X. *Am J Hum Genet* 73:1178-90.

Richards M, Corte-Real H, Forster P, Macaulay V, Wilkinson-Herbots H, Demaine A, Papiha S, Hedges R, Bandelt HJ, Sykes B. 1996. Paleolithic and neolithic lineages in the European mitochondrial gene pool. *Am J Hum Genet* 59:185-203.

Richards MB, Macaulay VA, Bandelt HJ, Sykes BC. 1998. Phylogeography of mitochondrial DNA in western Europe. *Ann Hum Genet* 62:241-260.

Richards M, Macaulay V, Hickey E, Vega E, Sykes B, Guida V, Rengo C, Sellitto D, Cruciani F, Kivisild T, Villems R, Thomas M, Rychkov S, Rychkov O, Rychkov Y, Golge M, Dimitrov D, Hill E, Bradley D, Romano V, Cali F, Vona G, Demaine A, Papiha S, Triantaphyllidis C, Stefanescu G, Hatina J, Belledi M, Di Rienzo A, Novelletto A, Oppenheim A, Norby S, Al Zaheri N, Santachiara-Benerecetti S, Scozzari R, Torroni A, Bandelt HJ. 2000. Tracing European founder lineages in the Near Eastern mtDNA pool. *Am J Hum Genet* 67:1251-1276.

Richards M. and Macaulay V. 2001. The mitochondrial gene tree comes of age. *Am J Hum Genet* 68:1315-20.

Rootsi S., Magri C., Kivisild T., Benuzzi G., Help H., Bermisheva M., Kutuev I., Barac L., Pericić M., Balanovsky O., Pshenichnov A., Dion D., Grobei M., Zhivotovsky L.A., Battaglia V., Achilli A., Al-Zahery N., Parik J., King R., Cinnioğlu C., Khusnutdinova E., Rudan P., Balanovska E., Scheffrahn W., Simonescu M., Brehm A., Goncalves R., Rosa A., Moisan J.P., Chaventre A., Ferak V., Füredi S., Oefner P.J., Shen P., Beckman L., Mikerezi I., Terzić R., Primorac D., Cambon-Thomsen A., Krumina A., Torroni A., Underhill P.A., Santachiara-

Richards M.B., Macaulay V.A., Bandelt H.J., Sykes B.C. 1998. Phylogeography of mitochondrial DNA in western Europe. *Ann Hum Genet* 62:241-260.

Róna-Tas A. 1999. *Hungarians and Europe in the Early Middle Ages*. Budapest: CEU Press.

Rousselet F, Mangin P. 1998. Mitochondrial DNA polymorphisms: a study of 50 French Caucasian individuals and application to forensic casework. *Int J Legal Med* 111:292- 298.

Sajantila A, Lahermo P, Anttinen T, Lukka M, Sistonen P, Savontaus ML, Aula P, Beckman L, Tranebjaerg L, Gedde-Dahl T, Issel-Tarver L, Di Rienzo A, Paabo S. 1995. Genes and languages in Europe: an analysis of mitochondrial lineages. *Genome Res* 5:42-52.

Sajantila A, Salem AH, Savolainen P, Bauer K, Gierig C, Paabo S. 1996. Paternal and maternal DNA lineages reveal a bottleneck in the founding of the Finnish population. *Proc Natl Acad Sci USA* 93:12035- 12039.

Salas A, Comas D, Lareu MV, Bertranpetit J, Carracedo A. 1998. mtDNA analysis of the Galician population: a genetic edge of European variation. *Eur J Hum Genet* 6:365-375.

Schneider S, Roessli D, and Excoffier L. ARLEQUIN version 2.000:a software for population genetic data analysis. 2000. Geneva, Switzerland: Genetics and Biometry Laboratory, University of Geneva.

Semino O., Passarino G., Quintana-Murci L., Liu A., Béres J., Czeizel A., Santachiara-Benerecetti A.S. 2000a. MtDNA and Y chromosome polymorphisms in Hungary: inferences from the palaeolithic, neolithic and Uralic influences on the modern Hungarian gene pool. *Eur J Hum Genet* 8:339-346.

Semino O, Passarino G, Oefner PJ, Lin AA, Arbuzova S, Beckman LE, De Benedictis G, Francalacci P, Kouvatsi A, Limborska S, Marcikiae M, Mika A, Mika B, Primorac D, Santachiara-Benerecetti AS, Cavalli-Sforza LL, Underhill PA. 2000b. The genetic legacy of Paleolithic Homo sapiens sapiens in extant Europeans: a Y chromosome perspective. *Science* 290:1155-9.

Soodyall H, Vigilant L, Hill AV, Stoneking M, Jenkins T. 1996. mtDNA control-region sequence variation suggests multiple independent origins of an "Asian-specific" 9-bp deletion in sub-Saharan Africans. *Am J Hum Genet* 58:595-608.

Szőke B. 1962. A honfoglaló és kora Árpád-kori magyarság régészeti emlékei. *Régészeti Tanulmányok* 1. Budapest: Akadémiai Kiadó.

Tagliabracci A, Turchi C, Buscemi L, Sassaroli C. 2001. Polymorphism of the mitochondrial DNA control region in Italians. *Int J Legal Med* 114:224- 228.

Tajima A, Hayami M, Tokunaga K, Juji T, Matsuo M, Marzuki S, Omoto K, Horai S. 2004. Genetic origins of the Ainu inferred from combined DNA analyses of maternal and paternal lineages. *J Hum Genet* 49:187-193.

Tambets K, Rootsi S, Kivisild T, Help H, Serk P, Loogvali EL, Tolk HV, Reidla M, Metspalu E, Pliss L, Balanovsky O, Pshenichnov A, Balanovska E, Gubina M, Zhadanov S, Osipova L, Damba L, Voevodam, Kutuev I, Bermisheva M, Khusnutdinova E, Gusar V, Grechanina E, Parik J, Pennarun E, Richard C, Chaventre A, Moisan JP, Barac L, Pericic M, Rudan P, Terzic R, Mikerezi I, Krumina A, Baumanis V, Koziel S, Rickards O, De Stefano GF, Anagnou N, Pappa KI, Michalodimitrakis E, Ferak V, Furedi S, Komel R, Beckman L, VILLEMS R. 2004. The western and eastern roots of the Saami--the story of genetic "outliers" told by mitochondrial DNA and Y chromosomes. *Am J Hum Genet* 74:661-682

Tamura K, Nei M. 1993. Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Mol Biol Evol.* 10:512-526.

Thomas MG, Cook CE, Miller KW, Waring MJ, Hagelberg E. 1998. Molecular instability in the COII-tRNA(Lys) intergenic region of the human mitochondrial genome: multiple origins of the 9-bp deletion and heteroplasmy for expanded repeats. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci* 353:955-65.

Torroni A, Schurr TG, Cabell MF, Brown MD, Neel JV, Larsen M, Smith DG, Vullo CM, Wallace DC. 1993. Asian affinities and continental radiation of the four founding Native American mtDNAs. *Am J Hum Genet* 53:563-590.

Torroni A., Lott M.T., Cabell M.F., Chen Y.S., Lavergne L., Wallace D.C. 1994. mtDNA and the origin of Caucasians: identification of ancient Caucasian-specific haplogroups, one of which is prone to a recurrent somatic duplication in the D-loop region. *Am J Hum Genet* 55:760-76.

Torroni A, Petrozzi M, Santolamazza P, Sellitto D, Cruciani F, Scozzari R. 1995. About the "Asian"-specific 9-bp deletion of mtDNA.... *Am J Hum Genet* 57:507-8.

Torroni A, Huoponen K, Francalacci P, Petrozzi M, Morelli L, Scozzari R, Obinu D, Savontaus ML, Wallace DC. 1996. Classification of European mtDNAs from an analysis of three European populations. *Genetics* 144:1835-1850.

Torroni A, Bandelt HJ, D'Urbano L, Lahermo P, Moral P, Sellitto D, Rengo C, Forster P, Savontaus ML, Bonne-Tamir B, Scozzari R. 1998. mtDNA analysis reveals a major late Paleolithic population expansion from southwestern to northeastern Europe. *Am J Hum Genet* 62:1137-1152.

Torroni A., Bandelt H.J., Macaulay V., Richards M., Cruciani F., Rengo C., Martinez-Cabrera V., VILLEMS R., Kivisild T., Metspalu E., Parik J., Tolk H.V., Tambets K., Forster P., Karger B., Francalacci P., Rudan P., Janicijevic B., Rickards O., Savontaus M.L., Huoponen K., Laitinen V., Koivumäki S., Sykes B., Hickey E., Novelletto A., Moral P., Sellitto D., Coppa A., Al-Zaheri N., Santachiara-Benerecetti A.S., Semino O., Scozzari R. 2001. A signal, from human mtDNA, of postglacial recolonization in Europe. *Am J Hum Genet* 69:844-52.

Torroni A., Achilli A., Macaulay V., Richards M., Bandelt H.J. 2006. Harvesting the fruit of the human mtDNA tree. *Trends Genet* 22:339-45.

Vernesi C, Di Benedetto G, Caramelli D, Secchieri E, Simoni L, Katti E, Malaspina P, Novelletto A, Marin VT, Barbujani G. 2001. Genetic characterization of the body attributed to the evangelist Luke. *Proc Natl Acad Sci U S A* 98:13460-13463.

Vékony G. 2002. Magyar őstörténet-Magyar honfoglalás. Budapest: Nap Kiadó.

Vigilant L., Stoneking M., Harpending H., Hawkes K., Wilson A.C. 1991. African populations and the evolution of human mitochondrial DNA. *Science* 253:1503-7.

Villems R., Rootsi S., Tambets K., Adojaan M., Orekhov V., Khusnutdinova E., Yankovsky N. 2002. Archaeogenetics of Finno-Ugric speaking populations. In: Kyosti Julku, editor. *The Roots of Peoples and Languages of Northern Eurasia IV*. Oulu: Societas Historiae Fenno-Ugricae.

Walsh PS, Metzger DA, Higuchi R. 1991. Chelex 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material. *Biotechniques* 10:506-513.

Willerslev E. and Cooper A. 2005 Ancient DNA. *Proc Biol Sci* 272:3-16. Review.

William J., Ballard O., Whitlock M.C. 2004. The incomplete natural history of mitochondria. *Mol Ecol* 13:729-744.

Yao, Y. G., Lu, X. M., Luo, H. R., Li, W. H., Zhang, Y. P. 2000. Gene admixture in the silk road region of China: evidence from mtDNA and melanocortin 1 receptor polymorphism. *Genes Genet. Syst.* **75**:173-178.

## 7. Közlemények jegyzéke

Bernadett Csányi, Erika Bogácsi-Szabó, **Gyöngyvér Tömöry**, Ágnes Czibula, Katalin Priskin, Aranka Csősz, Balázs Mende, Péter Langó, Klára Csete, Attila Zsolnai, Eleanore Kathrine Conant, Christopher Stephen Downes and István Raskó; Y-chromosome analysis of ancient Hungarian and two modern Hungarian-speaking populations from the Carpathian Basin. *Ann. Hum. Genet.* 2008. 72: 519-534.

**Gyöngyvér Tömöry**, Bernadett Csányi, Erika Bogácsi-Szabó, Tibor Kalmár, Ágnes Czibula, Aranka Csősz, Katalin Priskin, Balázs Mende, Péter Langó, C. Stephen Downes, István Raskó; Comparison of maternal lineage and biogeographic analysis of ancient and modern Hungarian populations. *Am. J. Phys. Anthropol* 2007. 134: 354-68.

Katalin Priskin, **Gyöngyvér Tömöry**, Erika Bogácsi-Szabó, Bernadett Csányi and István Raskó; Mitochondrial DNA control region analysis of a late neolithic aurochs (*Bos primigenius* Boj. 1827) from the Carpathian Basin. *Acta Biologica Hungarica* 2007. 58: 131-137.

Bernadett Csányi-**Gyöngyvér Tömöry**, Erika Bogácsi-Szabó, Ágnes Czibula, Katalin Priskin, Mónika Mórocz, Anita Szécsényi, Aranka Csősz, Balázs Mende, Péter Langó, Klára Csete, Attila Zsolnai and István Raskó; 2007. Analyses of mitochondrial and Y-chromosomal lineages in modern Hungarian, Szekler and ancient Hungarian populations. *Eur. J. Hum. Genet.* 2007. June; Vol. 15, Suppl 1: 299. (Abstract)

Erika Bogácsi-Szabó, Tibor Kalmár, Bernadett Csányi, **Gyöngyvér Tömöry**, Ágnes Czibula, Katalin Priskin, Ferenc Horváth, Christopher Stephen Downes, István Raskó; Mitochondrial DNA of ancient Cumanians: culturally Asian steppe nomadic immigrants with substantially more Western Eurasian mitochondrial DNA lineages. *Human Biology* 2005. 77: 639-662.

Erika Bogácsi-Szabó, Bernadett Csányi, **Gyöngyvér Tömöry**, Katalin Priskin, Ágnes Czibula, Aranka Csősz, Balázs Mende, Péter Langó and István Raskó; Maternal and paternal lineages in ancient and modern Hungarians. *Eur. J. Hum. Genet.* 2005. May; Vol. 13, Suppl 1: 346. (Abstract)



## 8. Összefoglalás

A magyarság korai története egy igen összetett problémakör, amelyet több tudományág különböző nézőpontokból próbál megközelíteni. Számos, egymásnak gyakran ellentmondó eredmény és elmélet született a magyarság eredetével és őstörténetével kapcsolatban. A mai anyaország határain kívül több magyar nyelvű népcsoport él elszigetelten (pl. székelyek, csángók), akiknek eredetére nézve szintén számos elképzelés látott napvilágot. Ezeket az eredményeket egészítheti ki, esetleg néhány kérdést tisztázhat a molekuláris genetika. Segítségével népek rokonsági viszonyait, genetikai eredetét vizsgálhatjuk.

Több ezer éve élt emberek történetéről és származásáról azonban akkor kaphatunk igazán információt, ha módunk van korabeli leletekből származó DNS vizsgálatára. Így munkánk során 10-11. századi, különböző lelőhelyekről származó csontleletek segítségével próbáltuk feltérképezni a honfoglalás kori Kárpát-medence genetikai összetételét. Azt vizsgáltuk, hogy mennyire volt egységes a honfoglaló magyarság hazánk területére érkezésekor, továbbá milyen arányban tartalmazott európai, illetve esetleg az őshazából származó ázsiai genetikai elemeket.

Emellett a mai magyar nyelvű populációk (anyaországi magyar, székely, gyimesi és moldvai csángó) genetikai analízisével azt vizsgáltuk, hogy kimutatható-e genetikai folytonosság a honfoglalás kori és a mai magyar nyelvű populációk között, másrészt hogy a nyelvi izoláció mennyiben jelent genetikai izolációt a szomszédos, indoeurópai nyelvet beszélő népcsoportoktól.

Vizsgálatainkat a mitokondriális DNS analízisével végeztük. A mtDNS mutációs rátája elég magas ahhoz, hogy segítségével filogenetikai folyamatokat nyomunkövezzünk, és mivel kizárólag anyai ágon öröklődik, szekvencia variációk kizárólag az anyai vonalon bekövetkező új mutációk akkumulációja során keletkeznek. Így igen alkalmas arra, hogy segítségével populációk anyaiági leszármazási vonalait nyomunkövezzük.

Ásatag leletekben főleg a csöves csontok és a fogak őrzik meg a DNS-t több ezer évig. A csontot ért környezeti hatások következtében az aDNS minősége azonban igen rossz és mennyisége nagyon limitált, amely megnehezíti az aDNS-sel való munkát. A legnagyobb veszélyt az exogén DNS-sel való kontamináció jelenti. Ezért az eredmények hitelességének érdekében a minta feldolgozása során minden munkafázist szigorú követelményrendszernek megfelelően kell végrehajtani.

Vizsgálataink során régészek által jól meghatározott, a Kárpát-medencében található 10-11. századi lelőhelyekről származó csontmintákat elemeztünk.

Munkánk egyik célja az volt, hogy minél hatékonyabb módszert dolgozzunk ki az aDNS izolálásához. A laborunkban korábban kidolgozott módszer mellett több, a kereskedelembe kapható izoláló kittel kísérleteztünk, melyek közül a DNeasy és Qiamp bizonyultak a leghatékonyabbnak. Ezek mellett néhány, az izolálás hatékonyságát növelő lépést is alkalmaztunk. Így sikerült a saját laboratóriumi környezetünkben igen jól működő módszert beállítanunk, amely a nagyobb kiindulási csontpor mennyiséget, a dekalcifikálást ill. a kitek használatát foglalja magába.

Az analíziseket első sorban a mtDNS hipervariábilis I (HVSI) régiójában található mutációs mintázatok alapján végeztük. Ha szükséges volt, ezeket az eredményeket kiegészítettük a mtDNS kódoló régiójában található polimorf pozíciók vizsgálatával. A csontminták esetében a HVSI általunk vizsgált 401 bp-os szekvenciáját kettő, esetleg négy rövidebb, egymást átfedő szakaszból illesztettük össze. A kódoló régiós pozíciókat részben RFLP analízis segítségével, másrészt szekvenálás útján határoztuk meg.

A honfoglalás kori csontminták vizsgálatán túl néhány ma élő magyar nyelvű népcsoport genetikai analízisét is elvégeztük. Így anyaországi magyar, székely, gyimesi és moldvai csángó populációkból származó mintáknak is meghatároztuk a mtDNS haplotípusát az adott régiókban. Elvégeztük a vizsgált archaikus és modern populációk haplotípus és haplocsoport analízisét majd ezek alapján, illetve több statisztikai paraméter alapján elvégeztük a magyar nyelvű populációk összehasonlító elemzését. Végül az általunk feldolgozott szekvenciákat összehasonlítottuk ázsiai és európai populációból származó szekvenciákkal, beleértve több, a finnugor nyelvcsaládhoz tartozó népcsoportot is.

Összesen 38 honfoglalás kori csontmintából sikerült értékelhető eredményt kapnunk. A vizsgált populáció nagy heterogenitást mutat mind mitokondriális haplocsoport, mind haplotípus szinten. A vizsgált 38 minta összesen 33 különböző haplotípust képviselt és 19 haplocsoportba tudtuk besorolni. A minták többsége (92%) európai haplocsoportba tartozik, három szekvencia kifejezetten ázsiai kládba (A, B, M) sorolható. Szembetűnő különbség mutatkozik, ha a honfoglalókat a temetkezési szokások alapján két eltérő szociális státusszal rendelkező csoportra osztjuk. A szegényes temetkezési mellékletekkel rendelkező köznépi sírokból előkerült csontleletek haplocsoport megoszlása igen hasonlít egy átlagos európai populációéhoz,

csak egy szekvencia sorolható Ázsiára jellemző kládba (M). Ezekről a leletekről azonban nem dönthető el egyértelműen, hogy a honfoglalóktól, vagy már a magyarok érkezése előtt a Kárpát-medencében élő más népcsoportoktól származnak. Ezzel szemben a klasszikus honfoglalók, akik a temetkezési mellékletekkel gazdagon ellátott sírokból kerültek elő, sokkal heterogénebb megoszlást mutatnak. Ezt mutatja, hogy a magyar nyelvű populációk közül itt a legmagasabb a genetikai diverzitás. A köznépi csoporttal ellentétben itt jóval magasabb, 11% az ázsiai haplocsoportok (A, B) aránya, ráadásul az N1a haplocsoportba tartozó három minta mindegyike rendelkezik egy mutációval (16189C), ami az adott klád ázsiai ágára jellemző, így a klasszikus honfoglaló vonalak 28%-a ázsiai eredetű.

A populációkban előforduló haplotípus egyezések alapján a gyimesi csángó és az anyaországi magyar, majd a székely és magyar populációk között figyelhető meg a legnagyobb átfedés. A honfoglaló populáció a legnagyobb arányú szekvencia egyezést a magyar, majd a székely populációkkal mutatja. A klasszikus honfoglalók csoportjából azonban csak az Európában általánosan elterjedt CRS és még egy haplotípus közös a modern populációkkal. A ma élő magyarok több mint 1000 éves kulturális és nyelvi öröksége nem jelenti a genetikai folytonosságot, nagyon kismértékű a közvetlen genetikai rokonság a 10-11. századi és a mai populációk között.

Az AMOVA analízis szerint a populációk között elsősorban nem a földrajzi, hanem a kulturális és történelmi viszonyok alapján alakultak ki a genetikai csoportok. A székelyek elsősorban az anyaországi magyarokkal, míg a két csángó populáció egymással alkotnak genetikai csoportot. A honfoglalók a moldvai csángókkal szemben mutatják a legkisebb diverzitást. A klasszikus honfoglalók viszont bármely magyar nyelvű populációtól nagy eltérést mutat, míg a köznépi csoport jól belesimul a modern populációk csoportjába.

Habár mind a honfoglalók, mind a klasszikusok szignifikáns különbséget mutatnak a vizsgált magyar nyelvű populációktól, nem alkot egyik sem külön filogenetikai klasztert, és mindegyik polifiletikus eredetet mutat.

A magyar nyelvű népcsoportok szekvenciáit összehasonlítottuk 71 más populációból származó szekvenciákkal. A populációk között számolt genetikai távolságokat kétdimenziós grafikonon ábrázoltuk. Az  $F_{st}$  értékeket a szekvenciák páronkénti (Tamura-Nei modell szerint) összehasonlításából kaptuk. A kapott ábra jól tükrözi az egyes népcsoportok földrajzi elhelyezkedését. A modern magyar és székely populációk egyértelműen a nyugat-eurázsiai népcsoportok között helyezkednek el. A

gyimesi csángók kicsit keletebbre, míg a moldvai csángók még keletebbre, kelet-európai (ukrán, komi) és kisázsiai (török, kurd, észak-oszét) populációkkal együtt található. Ide térképeződnek a honfoglalók is. Ha a két 10-11. századi csoportot külön tekintjük, szignifikáns eltérést kapunk. A klasszikus honfoglalók elhelyezkedése jelentős közép-ázsiai hatásról árulkodik, míg a köznépi csoport a nyugat-eurázsiaiak szélén található a közel-keleti és kisázsiai népcsoportok irányában. Eredményeink alapján tehát a köznépi sírokból előkerült leletek a modern magyar nyelvű és más nyugat-eurázsiai populációkkal mutatnak közelebbi kapcsolatot. Ez azt is jelentheti, hogy ez a csoport valójában a magyarok érkezése előtt itt élő népességhez tartozhat, ahogy erre egyes történeti feltételezések is utalnak.

A magyar nyelvű populációk közül a magyarok, székelyek és a gyimesi csángók is szignifikáns genetikai távolságot mutatnak a klasszikus honfoglalóktól, míg a honfoglalóktól egyben csak a magyar és székely populáció különbözik szignifikánsan.

Azoknak a populációknak a genetikai hatása, akik közeli kapcsolatba kerültek a honfoglalókkal az Uráltól a Kárpát-medencéig tartó vándorlásuk során – kazárok, besenyők, onogur-bolgárok, szavírok, és az iráni nyelvet beszélő alánok – nyomokat hagytak a honfoglaló magyarok génállományában ugyanúgy, mint a magyar nyelvben és kultúrában is.

A mai magyar nyelvű populációk gyakorlatilag jellegzetesen nyugat-eurázsiai jelleget mutatnak, kismértékű (1-6%) ázsiai hatással, ami a magyaroknál a legkisebb és a gyimesi csángóknál a legmagasabb. Látható keletre tolódás, egyre nagyobb ázsiai hatás figyelhető meg a populációkban a magyar és székely, gyimesi csángó, moldvai csángó, honfoglaló, klasszikus honfoglaló sorrendben.

A csángó populációk földrajzi elszigeteltsége a többi magyar nyelvű populációtól jól kimutatható genetikai állományukban, feltehetően archaikusabb elemeket hordoznak, de honfoglaló populáció közvetlen hatása nem látszik a genetikai állományban.

A vizsgált magyar nyelvű népcsoportokban a finnugor populációkhoz képest egyedül az U haplocsoport viszonylag magas frekvenciája mutat hasonlóságot. Ezt leszámítva a finnugor populációk meglehetősen heterogén megoszlást mutatnak a mitokondriális vonalak tekintetében.

A klasszikus és a köznépi csoportok illetve a modern populációk eredményei alapján valószínűsíthető, hogy viszonylag kisszámú honfoglaló érkezett a Kárpát-

medencébe, akik hamar keveredtek a már itt lévő népcsoportokkal (szlávok, avarok, germánok, stb.).

A tanulmány rámutat arra, hogy a magyarok nyelvi izolációja a Kárpát-medencében nem jelent egyben genetikai izolációt is. A szomszéd illetve vándorló népek hatással voltak a magyar génkészletre: a modern magyar génkészlet anyai vonala magába foglalja azon populációk nyomait, amelyek az évszázadok alatt ebben a régióban éltek. A mai magyar populációban jelentős a szláv népcsoportok hatása (szlovák, cseh, ukrán, horvát), balkáni és nyugat-eurázsiai befolyással, míg a székelyek és főleg a csángók esetében a keleti és déli népcsoportok genetikai hatása jelentős.

## 9. Summary

Several disciplines try to approach from different aspects the extremely complex question of the Hungarian prehistory. Numerous results and theories came to light about the ancestry and prehistory of Hungarians, which often conflict with each other. Several Hungarian-speaking ethnic groups live in isolation outside the homeland (e.g. Seklers and Csángós in Transylvania). About their ancestry numerous theories are in circulation also. These results could be supplemented or some questions could be clarified by the help of molecular genetics which provides the possibility to analyse genetic ancestry and affinities of populations.

The most informative way to study ancestry and history of peoples lived thousands of years ago is to analyse DNA from contemporary archaeological findings. In our work we attempt to explore the mitochondrial genetic pool of the 10<sup>th</sup> -11<sup>th</sup> century Carpathian Basin by analysing bone samples from ancient remains from the age of the Hungarian conquest. The aim of the work was to examine the homogeneity of the ancient population and to determine the frequency of west Eurasian and the occurring Asian genetic elements derived from the original homeland population.

Some recent Hungarian-speaking populations were involved in the study (Hungarians from the homeland, Seklers and Csángós from Gyimes and Moldva) in order to examine the genetic continuity between ancient Hungarian and modern Hungarian-speaking populations in maternal lineages, and to study the rate of isolation from the Indo-European people living in the neighbourhood for more than 1000 years.

Mitochondrial DNA was used, because its mutation rate is appropriate to analyse phylogenetic processes, it is transmitted as a non-recombining unit only through the mother, so its sequence variation has been generated solely by the sequential accumulation of new mutations along radiating maternal lineages. Thus it enables to follow the migration history of populations in maternal lineages.

In archaeological remains DNA survives most of all in long bones and teeth for several thousands of years. As an effect of the environmental circumstances however, the quality of the preserved aDNA is very poor and its quantity is limited. This fact raises difficulties in the aDNA work. The greatest challenge is the possibility of contamination by exogenous DNA. Thus, in the interest of the authenticity, all work phases should be carried out according to the required serious standards.

Samples were excavated in cemeteries from the 10<sup>th</sup> -11<sup>th</sup> centuries from different regions of Hungary. Burial sites and bones were archeologically and anthropomorphologically well defined before the analysis.

One of the aims of our work was to work out the most effective method for isolating aDNA. Beside our earlier method we tested several DNA isolation kits, furthermore we tried some technical steps to improve the effectiveness of the retrieval. DNeasy and Qiaamp Kits proved to be the most effective. The method which was developed and works well in our laboratory includes the higher amount of the initial bone powder, the step of decalcification and the usage of kits.

Mitochondrial DNA (mtDNA) analysis was performed on the basis of mutational motives in the hypervariable region I (HVSI) of the mtDNA control region. In the cases of ancient samples, two or four partially overlapping sub-regions of HVSI were amplified in order to assemble the required 401 bp long fragment. If it was necessary, analysis of diagnostic polymorphic sites in the HVSII region and mtDNA coding region was also performed by RFLP analysis or by sequencing.

Beside the bone samples from the age of Hungarian conquest, some recent Hungarian-speaking populations like Hungarian, Seklers, and Csangós from Gyimes and Moldva were also examined. Ancient and modern Hungarian-speaking populations were compared on the basis of haplotypes and haplogroups as well as several statistical parameters. Finally, the sequences were compared with the ones originated from European and Asian populations, including some Finno-Ugric speaking ethnic groups.

The sequences of 38 ancient bone samples were determined and analysed. The ancient Hungarian population was heterogeneous at the mitochondrial haplogroup and haplotype levels. Nineteen haplogroups and 33 haplotypes were distinguished among the samples studied. However, most of the ancient samples (92%) belong to potentially west Eurasian haplogroups, three sequences were assigned to Asian specific (A, B, M) clades. The difference is conspicuous however, when two groups according to apparent social status as judged by grave goods was analysed: commoners, originated from cemeteries with poor archaeological remains show a clear dominance of haplotypes and haplogroups common in west Eurasia. Only one sequence belongs to Asian specific haplogroup (M). On the other hand, classical Hungarian conquerors excavated from cemeteries with rich grave goods, show a more heterogeneous haplogroup representation. Among the studied Hungarian-speaking populations here is the highest gene diversity. Contrary to the commoners, in this group the rate of Asian-specific

haplogroups is higher (11%), moreover all sequences belonging to the N1a haplogroup pertains a mutation (16189C) which characterises the Asian lineage of the given clade. Thus, 28% of the classical conquerors' lineages are of Asian origin.

The highest rate of haplotype identities exist between the Csángós of Gyimes and the Hungarians, followed by the Seklers and the Hungarians. The Hungarian conquerors share most of identities to recent Hungarians then to Seklers, but among classical only two haplotypes, the CRS (which is common throughout Europe) and one more show identities with recent populations. So the linguistic and cultural heritage which traces back 1000 years do not mean the genetic continuity and direct genetic relationship between the Hungarian conquerors and the recent Hungarian-speaking populations.

The AMOVA suggests that the genetic groups are formed according to cultural and historical relations rather than geographical localizations. Seklers with Hungarians, while Csángós with each other compose genetical groups. Hungarian conquerors show the lowest diversity to Csángós of Moldva. Classical show massive difference to all other ethnic groups, while commoners suit into the group of recent Hungarian-speaking populations.

Although the 10<sup>th</sup>-11<sup>th</sup> century samples as well as the classical conquerors show significant differences from other Hungarian-speaking populations, neither of them composes a separated phylogenetic cluster, and the origin of each population is polyphyletic.

The Hungarian-speaking groups were compared with sequences from 71 other populations. Genetic distances were estimated between all populations as linearised Fst statistics by pairwise comparison using the Tamura-Nei model, and Fst values were summarised in multi-dimensional scaling (MDS). The MDS plot reflects the geographical localization of the involved populations. Modern Hungarians and Seklers are localized unambiguously among west Eurasian ethnic groups. Csángós of Gyimes are mapped a bit eastern, but the Csángós of Moldva are far more eastern, together with peoples from Eastern Europe (Ukrainian, Komi) and Asia Minor (Turkish, Kurdish, North-Ossetian), and the Hungarian conquerors were placed here as well. By analyzing the two groups of the ancient samples separately, the difference is significant. The localization of the classical Hungarian conquerors suggests a clear relationship with populations from Central Asia, while commoners are mapped at the edge of the west Eurasians towards to Middle Eastern and ethnic groups of Asia Minor. According to our



results commoners show closer relationships with recent Hungarian-speaking populations and other west Eurasian ethnic groups. The explanation could be that the commoners' cemeteries might contain the remains of pre-Hungarian populations in the Carpathian Basin, as it is suggested by some historical assumptions.

Recent Hungarians, Seklers and the Csángós from Gyimes show significant genetic distances from classical conquerors, while only recent Hungarians and Seklers have significant distances from the 10<sup>th</sup>-11<sup>th</sup> century samples.

The genetic effect of populations who lived in close contact with the Hungarians during their migration from the Ural region to the Carpathian Basin – Khazars, Petchenegs, Onogur-Bulgars, Savirs and Iranian-speaking Alans – seems to have left imprints in the ancient Hungarian gene pool, as well as in Hungarian language and culture.

Recent Hungarian-speaking populations seem to be specifically European populations with few Asian affinities (1-6%), which is the lowest in the Hungarian population and the highest in Csangós from Gyimes. A shift to east is apparent from recent Hungarians and Seklers towards to Csángós of Gyimes then of Moldva, to the Hungarian conquerors and classicals at the end.

The geographical isolation of Csángós from other Hungarian-speaking populations is remarkable, they may have more archaic elements, but the direct effect of the conquerors can not be detected in their gene pool.

In the analysed Hungarian-speaking ethnic groups compared to the Finno-Ugric populations only the relatively high frequencies of haplogroup U seems to be common, otherwise these populations are genetically rather different.

On the basis of the results from samples of classicals, commoners and the recent Hungarian speaking populations, it is probable that a relatively small number of Hungarian conquerors arrived in the Carpathian Basin, who mixed with other populations had been living here earlier (Slavs, Avars, Germans etc.).

This study shows that the linguistic isolation of Hungarian-speaking populations in the Carpathian Basin has not lead to significant genetic isolation. Gene flow from neighbours has affected the Hungarian gene pool: maternal lineages in the modern Hungarian gene pool bear the imprints of populations who have been living in the region for centuries. In the recent Hungarians, there is a dominating effect of Slav populations (Slovakian, Czech, Ukrainian, Croatian), with influence from the Balkans

and West Eurasia, while in the Seklers and mostly in the Csángós the genetic effect of Eastern and Southern Europeans is more visible.

## 10. Függelék

*Az intrapopulációs paraméterek számításához használt képletek*

Gén diverzitás (H):

$$H = \frac{n}{n-1} \left( 1 - \sum_{i=1}^k p_i^2 \right) ,$$

ahol  $n$  a gén kópiák (esetünkben a szekvenciák) száma,  $k$  a haplotípusok száma, és  $p_i$  az  $i$ -edik haplotípus frekvenciája.

Haplotípusok páronkénti átlagos különbsége ( $\pi$ ):

$$\pi = \frac{n}{n-1} \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^k p_i p_j d_{ij} ,$$

ahol  $d_{ij}$  az  $i$  és  $j$  haplotípusok szétválása óta keletkezett mutációk becsült száma,  $k$  a haplotípusok száma,  $p_i$  az  $i$ -edik haplotípus frekvenciája és  $n$  a szekvenciák száma.

Nukleotid diverzitás ( $\pi_n$ ):

$$\pi_n = \frac{\sum_{i=1}^k \sum_{j < i} p_i p_j d_{ij}}{L} ,$$

ahol  $L$  a lókuszok száma.

120



2. Az irodalomból származó populációk listája, amelyeket statisztikai analízishez használtunk. Az <sup>1</sup>-sel jelölt minták a következő internetes oldalról származnak: [www.gen.tcd.ie/molpopgen/data.htm](http://www.gen.tcd.ie/molpopgen/data.htm) (McEvoy 2004)

Populáció	Mintaszám	Referenciák
adigey	84	Lebedeva et al., (NCBI Database)
albán <sup>1</sup>	42	Belledi et al., 2000
angol <sup>1</sup>	242	Helgason et al., 2001; Piercy et al., 1993
azeri <sup>1</sup>	48	Richards et al., 2000
baszk <sup>1</sup>	156	Bertranpetit et al., 1995; Corte-Real et al., 1996; Richards et al., 2000
belga <sup>1</sup>	33	Decorte et al., 1996
bolgár <sup>1</sup>	141	Calafell et al., 1996; Richards et al., 2000
boscogurin	13	Pult et al., 1994
bosnyák	163	Harvey et al., (NCBI Database)
burját	180	Tajima et al., 2004; Shimada et al., (NCBI Database)
cseh <sup>1</sup>	83	Richards et al., 2000
dán <sup>1</sup>	38	Richards et al., 1996; Richards et al., 2000
észak-oszét <sup>1</sup>	106	Richards et al., 2000
észt <sup>1</sup>	149	Sajantila et al., 1995; Sajantila et al., 1996; Richards et al., 2000
európai-kaukázusi	236	Coble et al., 2004
evenki	37	Kaessmann et al., 2002
fehérorosz	51	Belyaeva et al., (NCBI Database)
finn	230	Kaessmann et al., 2001; Sajantila et al., 1995
francia <sup>1</sup>	379	Richards et al., 1996; Rousset and Mangin, 1998; Cali et al., 2001; Dubut et al., 2004; CEPH Data
galíciai <sup>1</sup>	135	Salas et al., 1998; Gonzalez et al., 2003
görög	43	Vernesi et al., 2001
grúz	168	Reidla et al., (NCBI Database)
hohhot mongol	107	Cheng et al., (NCBI adatbázis)
horvát	60	Harvey et al., (NCBI Database)
ír <sup>1</sup>	300	Richards et al., 1996; McEvoy et al., 2004
iraki <sup>1</sup>	116	Richards et al., 2000
izlandi <sup>1</sup>	447	Sajantila et al., 1995; Richards et al., 1996; Helgason et al., 2000
japán	124	Mabuchi et al., (NCBI adatbázis)
japán2	24	Shiraishi and Umetsu, (NCBI adatbázis)
karéli <sup>1</sup>	83	Sajantila et al., 1995
kazah	82	Yao et al., 2000; Comas et al. 1998
kirgiz-alföldi	43	Comas et al., 1998
kirgiz-felföldi	49	Comas et al., 1998
komi	15	Voevoda et al., (NCBI Database)
krétai	185	Villems et al., (NCBI Database)
kurd <sup>1</sup>	53	Richards et al., 2000
lapp	114	Sajantila et al., 1995
lengyel <sup>1</sup>	473	Richards et al., 2000; Malyarchuk et al., 2002
mari	14	Sajantila et al., 1995
moksa	20	Sajantila et al., 1995
mongol	101	Kolman et al., 1996
német <sup>1</sup>	582	Richards et al., 1996; Hofmann et al., 1997; Baasner et al., 1998; Lutz et al., 1998; Pfeiffer et al., 1998
nivkhi	57	Tajima et al., 2004
norvég <sup>1</sup>	629	Opdal et al., 1998; Richards et al., 2000; Helgason et al., 2001; Passarino et al., 2002
oberwalli	20	Pult et al., 1994
olasz <sup>1</sup>	248	Francalacci et al., 1996; Richards et al., 2000; Mogentale-Profizi et al., 2001; Tagliabracci et al., 2001
orosz <sup>1</sup>	379	Orekhov et al., 1999; Richards et al., 2000; Malyarchuk and Derenko, 2001; Malyarchuk et al., 2002
oszét	197	Kaldma et al., (NCBI Database)
osztrák <sup>1</sup>	99	Parson et al., 1998
örmény <sup>1</sup>	191	Richards et al., 2000
ősi kun	11	Bogácsi-Szabó et al., 2005
palesztin <sup>1</sup>	117	Di Rienzo and Wilson 1991; Richards et al., 2000
portugál (déli) <sup>1</sup>	195	Pereira et al., 2000; Gonzalez et al., 2003
rétoromán	15	Pult et al., 1994

---

román <sup>1</sup>	92	Richards et al., 2000
skót <sup>1</sup>	895	Helgason et al., 2001
spanyol (dél-közép)	103	Corte-Real et al., 1996; Larruga et al., 2001
svájci <sup>1</sup>	224	Pult et al., 1994; Dimo-Simonin et al., 2000
svéd <sup>1</sup>	32	Sajantila et al., 1996
szardíniai <sup>1</sup>	115	Di Rienzo and Wilson, 1991; Richards et al., 2000
szerb	56	Harvey et al., (NCBI Database)
szicíliai <sup>1</sup>	196	Richards et al., 2000; Cali et al., 2001
szír <sup>1</sup>	69	Richards et al., 2000
szlavón orosz	88	Markina et al., (NCBI Database); Bermisheva et al., (NCBI Database)
szlovák	128	Metspalu et al., (NCBI Database)
thonghai mongol	46	Cheng et al. (NCBI adatbázis)
török	28	Calafell et al., 1996
ujgur	98	Yao et al., 2000; Comas et al. 1998
ukrán	17	Malyarchuk and Derenko, 2001
walesi <sup>1</sup>	92	Richards et al., 1996
zhenglanqi mongol	48	Cheng et al. (NCBI adatbázis)
	10234	

---

## 3. Az egyes populációk között számolt Fst értékek

	iraki	szír	palesztin	örmény	azeri	észak-oszt	bolgár	román	albán	olasz	szicíliai	sardiniai	portugál (D)
iraki	0												
szír	-0,00201	0											
palesztin	-0,00018	-0,00289	0										
örmény	-0,00029	0,00048	0,0043	0									
azeri	0,00273	0,0068	0,00267	0,00126	0								
észak-oszt	0,01054	0,00744	0,00612	0,01175	0,00006	0							
bolgár	0,00431	0,00615	0,00597	0,00001	-0,00438	0,00663	0						
román	0,01073	0,01112	0,01117	0,00334	-0,00346	0,01419	0,00073	0					
albán	0,03491	0,0218	0,05528	0,03567	0,01673	0,01372	0,02291	0,0538	0				
olasz	0,00359	0,00388	0,00405	0,00237	-0,00324	0,01026	0,0019	0,00254	0,05615	0			
szicíliai	0,00578	0,00852	0,00603	0,00157	-0,00361	0,00761	0,00238	0,00986	0,06211	0,0021	0		
sardiniai	0,01027	0,01288	0,01279	0,00569	0,00319	0,01344	0,00418	0,00464	0,06833	0,00384	0,00291	0	
portugál (D)	0,00344	0,0007	0,00075	0,00393	0,00299	0,0077	0,00531	0,00946	0,0601	0,00459	0,00511	0,00746	0
spanyol (DKö)	0,00094	0,0038	0,00368	0,00051	-0,00196	0,00474	-0,00179	0,00213	0,05275	-0,00043	0,00067	-0,00045	0,00266
galíciai	0,01445	0,01458	0,013	0,00924	0,00714	0,01544	0,00632	0,01858	0,06091	0,01078	0,00616	0,00654	0,01199
baszk	0,03024	0,03802	0,0308	0,02054	0,01492	0,02441	0,01446	0,02855	0,05841	0,01833	0,01391	0,00817	0,02395
svájci	0,00999	0,01523	0,0128	0,00444	-0,00284	0,02091	0,00426	0,00193	0,05971	0,00278	0,00359	0,00446	0,01368
osztrák	0,00369	0,00919	0,00659	0,00056	-0,00531	0,00821	-0,00295	0,00193	0,03568	-0,00005	0,00194	0,00268	0,00905
lengyel	0,01234	0,0125	0,01111	0,00661	-0,00157	0,01546	0,00242	0,0036	0,04764	0,00424	0,00191	0,00473	0,00868
orosz	0,01029	0,01312	0,01072	0,0061	-0,0046	0,01017	0,0016	0,00295	0,04256	0,00181	0,00215	0,00482	0,00954
cseh	0,00762	0,01479	0,00913	0,00515	-0,00736	0,01019	0,00102	0,00101	0,06978	0,00103	0,00397	-0,0004	0,01057
dán	0,00734	0,01045	0,00398	0,00324	-0,01022	0,00632	0,0059	0,00933	0,04871	0,00135	0,00229	0,00876	0,01125
svéd	0,01105	0,01999	0,01608	0,00537	-0,00256	0,02069	0,00416	0,00468	0,04216	0,00718	0,0097	0,004	0,0224
norvég	0,01867	0,02187	0,01842	0,01053	0,00012	0,01797	0,00511	0,00934	0,05283	0,00715	0,0046	0,00588	0,01561
izlandi	0,01527	0,02248	0,01767	0,01471	0,00505	0,01888	0,01203	0,01842	0,07274	0,00968	0,00984	0,00963	0,02175
walesi	0,01209	0,01904	0,01258	0,00602	0,00283	0,01869	0,00804	0,01651	0,07864	0,0086	0,00737	0,00848	0,01456
skót	0,01275	0,01711	0,01481	0,00901	0,00084	0,01938	0,00634	0,01002	0,06955	0,00589	0,00602	0,00676	0,01427
ész	0,01579	0,01808	0,014	0,00887	-0,00064	0,01508	0,00343	0,0059	0,02568	0,00755	0,00667	0,00486	0,01128
karéli	0,0192	0,01895	0,01812	0,00961	0,00158	0,01195	0,00499	0,00645	0,01237	0,00949	0,01027	0,0122	0,01188
belga	0,01398	0,01804	0,02233	0,01035	0,01494	0,02765	0,01087	0,02617	0,01519	0,02095	0,02219	0,01912	0,02575
angol	0,00916	0,01347	0,01061	0,00467	-0,003	0,01223	0,00196	0,00645	0,05544	0,00263	0,00092	0,0019	0,01084
német	0,0119	0,01368	0,01289	0,00332	-0,002	0,01541	0,00108	0,0034	0,05579	0,00285	0,00167	0,00218	0,00874
ír	0,01281	0,01929	0,01645	0,00762	0,00276	0,01676	0,0028	0,01398	0,04904	0,00719	0,00518	0,00496	0,01501
kurd	-0,0001	-0,0007	-0,0014	0,00051	0,00079	-0,00268	0,00052	0,00792	0,03937	0,00524	0,00378	0,00889	0,00166
francia	0,0124	0,01579	0,01207	0,00712	0,00138	0,01691	0,0024	0,0088	0,05962	0,00445	0,00255	0,00271	0,01161
adigey	0,01733	0,02136	0,01606	0,02	0,00924	0,01506	0,01335	0,02253	-0,0047	0,01474	0,01715	0,01491	0,01776
fehérorosz	0,01052	0,01406	0,00852	0,00515	-0,00533	0,00555	0,00606	0,00116	0,08111	0,00279	0,00653	0,00334	0,00579



## Az egyes populációk között számolt Fst értékek (folytatás)

	iraki	szír	palesztin	örmény	azeri	észak-ozsét	bolgár	román	albán	olasz	szicíliai	sardíniai	portugál (D)
boscogurin	0,01251	0,02754	0,017	0,01106	0,01893	0,03065	0,03003	0,04114	0,05471	0,03068	0,04642	0,02452	0,03266
bosnyák	0,01322	0,01719	0,01298	0,01003	0,00082	0,0192	0,00706	0,0155	0,02786	0,00865	0,0063	0,01118	0,01473
burját	0,11079	0,09914	0,09955	0,12882	0,11893	0,09388	0,13161	0,14643	0,0908	0,1398	0,14273	0,1491	0,12319
horvát	0,01035	0,01396	0,008	0,00641	0,00096	0,00993	0,00196	0,00897	0,03559	0,00473	0,00463	0,00184	0,01207
eu-kaukázusi	0,03426	0,04447	0,03643	0,02438	0,01792	0,05696	0,03698	0,03507	0,14088	0,01753	0,03264	0,03393	0,04695
evenki	0,20743	0,19039	0,19077	0,22354	0,19756	0,1822	0,24955	0,25485	0,09642	0,24835	0,27186	0,26274	0,231
finn	0,03448	0,02671	0,02128	0,02926	0,01918	0,01534	0,02775	0,02998	0,10462	0,03005	0,02805	0,02711	0,02069
görög	0,00435	0,00498	0,00614	-0,00272	-0,00648	0,01142	0,00156	0,00134	0,04291	-0,00188	0,00309	0,00546	0,01132
krétai	0,00791	0,01055	0,01005	0,003	0,0013	0,01988	0,0057	0,00774	0,03663	0,00312	0,00668	0,00833	0,01345
kazah	0,04712	0,0377	0,03741	0,05867	0,04717	0,03558	0,06087	0,06747	0,07299	0,06452	0,06476	0,07327	0,0511
kirgiz-félföldi	0,04829	0,03539	0,0379	0,05909	0,05052	0,03269	0,06614	0,08028	0,05094	0,07094	0,07164	0,08168	0,05335
kirgiz-alföldi	0,09054	0,07962	0,07614	0,10922	0,09991	0,07669	0,12579	0,13737	0,1077	0,12592	0,14041	0,14512	0,10389
komi	-0,01245	-0,00852	-0,01233	-0,00785	-0,01484	0,00319	-0,00174	0,00512	0,00762	-0,00425	0,01045	0,01941	0,00695
mari	0,00287	0,01358	0,00564	-0,00162	-0,00975	0,00691	0,00074	0,00578	0,06262	0,00031	0,01546	0,00287	0,00977
moksa	0,00267	0,00605	0,00095	-0,00547	-0,01945	0,00503	-0,00113	-0,00744	0,02028	-0,0054	0,00173	0,00118	0,00726
mongol	0,05586	0,0422	0,05172	0,07218	0,05509	0,04189	0,06512	0,07428	0,17353	0,08231	0,07077	0,07571	0,06285
oberwalli	0,01071	0,01237	0,00828	0,00013	-0,00067	0,01413	0,00989	0,0097	0,04454	0,01131	0,01334	0,01651	0,0151
oszét	0,01517	0,02311	0,02024	0,02059	0,02062	0,02262	0,02786	0,0325	0,0707	0,03038	0,0307	0,03136	0,0281
rétoromán	0,02441	0,02645	0,02788	0,01695	0,01382	0,02431	0,0207	0,02567	0,04924	0,02817	0,03392	0,01679	0,02681
lapp	0,13907	0,13703	0,1401	0,12697	0,12638	0,1154	0,13459	0,12525	0,15168	0,1355	0,15065	0,13307	0,12864
szerb	0,01342	0,02132	0,01741	0,01294	0,00683	0,01781	0,0099	0,0214	0,04054	0,01677	0,01687	0,01348	0,02168
szlav. orosz	0,01171	0,01007	0,00508	0,00516	-0,00238	0,00512	0,00436	0,00272	0,0707	0,00803	0,00987	0,00986	0,00311
szlovák	0,00955	0,013	0,00813	0,00611	-0,00323	0,01474	0,0025	0,00496	0,05792	0,00248	0,00389	0,00324	0,00977
török	-0,00409	-0,00525	-0,00255	-0,00156	-0,0003	0,00916	0,00656	0,00713	0,06019	0,00478	0,01191	0,01241	0,00313
ujgur	0,04741	0,03899	0,03768	0,05668	0,0531	0,03587	0,06137	0,07623	0,06033	0,06731	0,06373	0,07698	0,05192
ukrán	-0,01762	-0,01271	-0,01782	-0,01312	-0,02459	-0,01071	-0,01466	-0,01043	0,00494	-0,01778	-0,00623	-0,00248	-0,01079
grúz	0,02105	0,01941	0,01948	0,01809	0,02507	0,01976	0,02521	0,03413	0,05144	0,02657	0,03502	0,02469	0,02781
nyíkhi	0,18101	0,17863	0,18008	0,18468	0,19777	0,18805	0,22922	0,213	0,29028	0,21323	0,26292	0,24426	0,21879
japán1	0,12595	0,10935	0,11184	0,14012	0,13432	0,10777	0,15108	0,15978	0,13867	0,16091	0,16666	0,16902	0,13529
japán2	0,13655	0,12229	0,12118	0,15359	0,14509	0,11466	0,18353	0,19661	0,12813	0,18446	0,20939	0,21176	0,16304
thong. mongol	0,09372	0,08056	0,07988	0,10767	0,09569	0,07033	0,11794	0,12541	0,12357	0,12427	0,13027	0,13007	0,103
zheng. mongol	0,11576	0,10087	0,10341	0,13404	0,1198	0,0915	0,14574	0,15414	0,09923	0,15419	0,16705	0,16313	0,13454
hohhot mongol	0,084	0,07187	0,07359	0,09691	0,08883	0,06284	0,10133	0,11386	0,07531	0,11136	0,11113	0,11696	0,09308
ősi kun	-0,01267	-0,01062	-0,00951	-0,01024	-0,01312	-0,00837	-0,00681	0,01391	-0,05698	-0,00116	0,00278	0,00605	0,00267
magyar	0,0168	0,02116	0,01414	0,01148	0,0027	0,01887	0,00759	0,01266	0,06538	0,00955	0,01056	0,00523	0,01778
székely	0,00942	0,01543	0,01038	0,00785	0,00052	0,01291	-0,00069	-0,00013	0,04771	0,00177	0,00821	0,00437	0,01349
gyimesi	0,01896	0,02073	0,01335	0,01263	0,01101	0,01756	0,01621	0,0206	0,06833	0,01634	0,0179	0,01305	0,01649
moltdvai	0,00646	0,00229	0,00402	0,0022	-0,00623	-0,003	-0,00166	-0,0009	0,00381	0,00836	0,00775	0,00614	0,00441
honfoglalók	0,01353	0,00839	0,00883	0,01553	0,01126	0,0161	0,02046	0,01915	0,06201	0,01871	0,01994	0,02118	0,01233
klasszikus	0,06133	0,04407	0,05311	0,06328	0,06502	0,06262	0,09018	0,08417	0,10109	0,08392	0,10098	0,09683	0,06442
kőznépi	0,00544	0,01648	0,00238	0,00949	-0,00689	0,01055	0,01084	0,01154	0,06861	0,00506	0,01353	0,00658	0,01882

## Az egyes populációk között számolt Fst értékek (folytatás)

	spanyol (DKö)	galíciai	baszk	svájci	osztrák	lengyel	orosz	cseh	dán	svéd	norvég	izlandi	walesi
spanyol (DKö)	0												
galíciai	0,00265	0											
baszk	0,0113	0,00884	0										
svájci	0,0018	0,00795	0,0168	0									
osztrák	-0,00381	0,00646	0,01467	-0,00125	0,00115								
lengyel	0,00232	0,0059	0,01163	0,00173	-0,00063	0							
orosz	0,00088	0,00793	0,01418	0,00144	-0,00028	0,00043							
cseh	-0,00399	0,00534	0,01014	-0,00225	-0,00466	-0,00028	-0,00205	0					
dán	0,00015	0,01036	0,02057	-0,00248	-0,00364	0,00194	0,00007	-0,00159	0				
svéd	0,00145	0,00532	0,02011	-0,0031	-0,00188	0,00235	0,00208	-0,0059	0,00228	0			
norvég	0,00402	0,00642	0,00827	0,00178	-0,00052	0,00317	0,00258	-0,00071	-0,0042	0,00209	0		
izlandi	0,00642	0,01178	0,01759	0,00723	0,00333	0,01188	0,00909	0,00193	-0,00139	0,0049	0,00673	0	
walesi	0,00137	-0,00093	0,01378	0,001	0,0032	0,00452	0,0038	-0,00001	0,00176	-0,00062	0,00213	0,00553	0
skót	0,00217	0,00507	0,01299	0,00138	0,00033	0,00502	0,0048	-0,00083	-0,00201	-0,00005	0,00224	0,00421	-0,00062
észti	0,00369	0,00913	0,01247	0,00489	-0,00058	0,00103	0,00218	-0,00139	0,00241	0,00044	0,00245	0,01161	0,00782
karéli	0,01079	0,018	0,02131	0,01442	0,00782	0,00573	0,00476	0,01106	0,01522	0,01705	0,00838	0,02501	0,02479
belga	0,00967	0,00832	0,02707	0,01645	0,01218	0,01625	0,02008	0,02005	0,02677	0,00272	0,01941	0,02526	0,01627
angol	-0,00035	0,00384	0,01031	-0,00065	-0,00257	0,00154	0,00088	-0,002	-0,00376	0,00012	-0,00004	0,00333	0,00064
német	0,0011	0,00647	0,0113	0,00082	-0,00069	0,0009	0,00108	-0,00001	0,00242	0,00356	0,00204	0,01075	0,00424
ír	0,00125	0,00242	0,00912	0,00426	0,00148	0,00616	0,00496	0,00162	0,00562	0,00254	0,00347	0,0072	0,00202
kurd	-0,00124	0,01007	0,02598	0,01167	0,00099	0,01043	0,00739	0,00666	-0,0008	0,01522	0,01174	0,01771	0,01031
francia	0,00012	0,00254	0,00845	0,0014	-0,00044	0,00206	0,00296	-0,00158	0,00251	0,00007	0,00267	0,00777	0,00174
adigey	0,00966	0,01808	0,01905	0,02139	0,0108	0,01689	0,01403	0,00804	0,01375	0,01149	0,01995	0,02134	0,02011
fehérorosz	0,00424	0,01962	0,02006	0,00966	0,00388	0,0055	0,00326	0,00117	0,00503	0,01092	0,00881	0,01596	0,01621

## Az egyes populációk között számolt Fst értékek (folytatás)

	spanyol (DKö)	galíciai	baszk	svájci	osztárok	lengyel	orosz	cseh	dán	svéd	norvég	izlandi	walesi
boscogurin	0,01219	0,02216	0,0584	0,02975	0,02375	0,03164	0,03912	0,02276	0,06654	0,01107	0,03584	0,02576	0,03442
bosnyák	0,00675	0,00404	0,01713	0,00363	0,00579	0,0038	0,00475	0,00406	0,00338	0,00381	0,0058	0,00892	0,00313
burját	0,12147	0,1322	0,15864	0,15955	0,13633	0,1505	0,14957	0,13699	0,12991	0,14488	0,17248	0,16127	0,14417
horvát	-0,00435	0,00092	0,00589	0,0017	-0,00287	0,0013	0,00077	-0,00523	-0,00133	-0,00308	-0,00015	0,00527	0,0003
eu-kaukázusi	0,02783	0,03842	0,05613	0,01126	0,02647	0,02183	0,02118	0,0218	0,02288	0,01915	0,0209	0,01631	0,02452
evenki	0,22944	0,25246	0,3051	0,28033	0,025106	0,26078	0,26253	0,24897	0,23497	0,24089	0,28753	0,27052	0,27216
finn	0,02287	0,02884	0,03715	0,0363	0,03176	0,02822	0,02814	0,02706	0,02725	0,0454	0,03285	0,04048	0,03454
görög	-0,00187	0,00801	0,02079	-0,0044	-0,00362	0,00074	-0,00053	-0,00056	-0,0068	0,00036	-0,00029	0,00508	0,00356
krétai	0,00526	0,01499	0,02501	0,00252	0,00359	0,00552	0,00546	0,00394	0,00722	0,00526	0,01013	0,01288	0,00948
kazah	0,05353	0,06206	0,08839	0,08035	0,06619	0,0687	0,06793	0,06208	0,05648	0,06765	0,0892	0,08459	0,07001
kirgiz-felföldi	0,05955	0,06431	0,10367	0,08924	0,07318	0,07225	0,0745	0,07561	0,06812	0,07662	0,08879	0,08325	0,08123
kirgiz-alföldi	0,11065	0,12963	0,17668	0,15803	0,13188	0,13865	0,13903	0,13272	0,12055	0,135	0,16353	0,15162	0,14678
komi	-0,00102	0,01826	0,0561	0,0122	0,00337	0,00552	0,00489	0,01024	0,02139	0,00521	0,016	0,0138	0,03509
mari	-0,00576	0,00589	0,02461	0,001	-0,00302	0,0049	0,00159	-0,00362	0,00594	-0,01691	-0,00094	-0,00135	-0,00014
moksa	-0,00202	0,01263	0,0225	-0,00827	-0,01152	-0,01065	-0,00861	-0,00934	-0,00857	-0,01494	-0,00737	-0,00379	0,00819
mongol	0,05727	0,05973	0,08169	0,09346	0,06565	0,09554	0,09129	0,06485	0,05101	0,05984	0,1143	0,1064	0,06481
obervalli	0,0075	0,01869	0,03462	0,00522	0,00419	0,00675	0,01026	0,01022	0,00533	0,00701	0,01044	0,01999	0,01582
osztét	0,01951	0,03468	0,04833	0,03296	0,02123	0,03965	0,03676	0,02666	0,01559	0,03171	0,03869	0,03168	0,02905
rétoromán	0,0185	0,0236	0,03677	0,0304	0,02075	0,02313	0,02619	0,01649	0,04539	0,0193	0,0272	0,03461	0,03489
lapp	0,13822	0,15544	0,15669	0,15612	0,14338	0,1366	0,13574	0,14609	0,15873	0,1675	0,14595	0,16338	0,17256
szerb	0,00568	0,00517	0,01917	0,00902	0,00352	0,01547	0,01357	0,00139	0,00129	0,00201	0,00652	0,00666	-0,0017
szlav. orosz	0,00605	0,01376	0,02754	0,01235	0,00758	0,00731	0,00724	0,00581	0,01037	0,0125	0,0118	0,02067	0,01365
szlovák	-0,00084	0,00561	0,01269	-0,0013	-0,0021	0,00098	0,00088	-0,00535	-0,00662	-0,00248	-0,00006	0,00484	-0,00001
török	0,00208	0,01234	0,04201	0,01198	0,0068	0,01321	0,01425	0,01026	0,00504	0,01179	0,02028	0,01456	0,01362
ujgur	0,05395	0,05993	0,0889	0,08301	0,06759	0,06898	0,07087	0,06975	0,06097	0,07366	0,08742	0,08388	0,07219
ukrán	-0,01715	0,00067	0,02294	-0,0085	-0,01655	-0,01426	-0,01749	-0,0155	-0,00147	-0,01092	-0,00466	-0,00168	0,00602
grúz	0,02031	0,03249	0,05391	0,03748	0,02734	0,03726	0,03663	0,02806	0,03947	0,03202	0,04539	0,03709	0,03735
nivkhi	0,21047	0,26617	0,32598	0,24054	0,22033	0,23937	0,2352	0,23514	0,22555	0,23737	0,26488	0,248	0,27363
japán1	0,14258	0,15823	0,19424	0,18856	0,15847	0,17719	0,17745	0,16302	0,14778	0,16722	0,20606	0,19122	0,17201
japán2	0,1701	0,20118	0,26226	0,2249	0,1936	0,19579	0,19904	0,20075	0,19146	0,20016	0,22742	0,21169	0,2337
thong. mongol	0,10311	0,12031	0,15933	0,14928	0,12441	0,12789	0,12957	0,12203	0,11604	0,12245	0,15511	0,14367	0,13942
zheng. mongol	0,12967	0,15673	0,1967	0,18608	0,14978	0,16782	0,16642	0,14931	0,14256	0,14689	0,19554	0,17784	0,17486
hohhot mongol	0,09242	0,10133	0,133	0,13144	0,10709	0,1185	0,11812	0,10859	0,09784	0,11112	0,14003	0,12795	0,11435
ősi kun	-0,01609	-0,0125	0,01336	0,00284	-0,00492	-0,00252	0,00088	0,00231	0,00033	-0,00531	0,00023	0,003	0,00444
magyar	0,00105	0,00418	0,01086	0,00381	0,00338	0,00521	0,00606	-0,00336	0,00558	-0,0015	0,00455	0,00933	0,00096
székely	0,00077	0,01374	0,01872	0,0033	-0,00321	0,00641	0,00262	-0,00515	0,00146	-0,00129	0,00392	0,00741	0,00892
gyimesi	0,00787	0,01311	0,02463	0,01356	0,01125	0,01058	0,01326	0,00736	0,01337	0,00561	0,00981	0,01455	0,00873
moldvai	-0,00195	0,01311	0,01879	0,01022	0,00029	0,00464	0,00171	0,0004	-0,00525	0,00796	0,00542	0,01554	0,01365
honfoglalók	0,01765	0,02913	0,04712	0,02819	0,02374	0,01784	0,02214	0,02009	0,01834	0,02759	0,03148	0,03469	0,03608
klasszikus	0,08311	0,11001	0,1537	0,112	0,09923	0,08907	0,09863	0,10212	0,09274	0,10331	0,11886	0,11747	0,13076
kőznépi	0,00199	0,01708	0,03052	0,00614	0,00364	0,00608	0,00353	-0,00863	0,00737	-0,00408	0,00779	0,00268	0,01795



## Az egyes populációk között számolt Fst értékek (folytatás)

skót	észti	karéli	belga	angol	német	ír	kurd	francia	adigey	fehérorosz	boscogurin	bosnyák
skót	0											
észti	0,00599											
karéli	0,01762	0										
belga	0,01655	0,02749	0									
angol	0,00009	0,01049	0,01548									
német	0,00389	0,00695	0,01598	0,00022	0,00347							
ír	0,00421	0,00764	0,01589	0,00669	0,00721	0						
kurd	0,01335	0,01143	0,01574	0,00669	0,00721	0,00914	0					
francia	0,00317	0,01286	0,00785	0,00013	0,00094	0,00977	0					
adigey	0,02274	0,01875	0,02262	0,0162	0,02119	0,01921	0,01921	0				
fehérorosz	0,01065	0,00277	0,04047	0,00639	0,00483	0,01788	0,00478	0,01159	0			
boscogurin	0,02368	0,0248	0,0757	0,0147	0,02989	0,02878	0,01816	0,01796	0,01948	0		
bosnyák	0,00644	0,00809	0,0161	0,0136	0,00692	0,03093	0,01363	0,00365	0,01693	0,01976	0	
burját	0,17078	0,14986	0,13123	0,12059	0,17084	0,15502	0,09917	0,15421	0,12446	0,13816	0,1305	0
horvát	0,00237	-0,00041	0,01303	0,00939	0,02267	0,02573	0,05413	-0,00269	0,0035	0,00913	0,02779	0
eu-kaukázusi	0,28081	0,26378	0,24638	0,21396	0,28931	0,28052	0,18559	0,2741	0,22254	0,22966	0,23845	0
evenki	0,03618	0,03144	0,02607	0,05119	0,03156	0,03076	0,01369	0,03068	0,03986	0,02435	0,02986	0
görög	0,00665	0,00665	0,00862	0,01733	-0,00043	0,00272	0,00401	0,00211	0,01744	0,00236	0,05538	0
krétai	0,00885	0,00965	0,01898	0,00532	0,00552	0,00975	0,01281	0,00629	0,01366	0,0093	0,03441	0
kazah	0,08746	0,07386	0,05844	0,05965	0,08436	0,0796	0,0376	0,07551	0,05965	0,05812	0,06306	0
kirgiz-ferföldi	0,08487	0,07997	0,07041	0,06652	0,08833	0,08341	0,03639	0,07957	0,06543	0,07315	0,07842	0
kirgiz-alföldi	0,15667	0,14166	0,12291	0,11781	0,16181	0,15729	0,08055	0,14952	0,10631	0,11546	0,12716	0
komi	0,01079	0,0136	0,01323	0,00832	0,01138	0,01561	0,00113	0,0074	0,0095	0,14379	0,01268	0
mari	-0,00411	0,00005	0,01879	-0,00128	0,00547	0,00136	0,00266	0,00505	-0,00312	0,00459	0,07706	0
moksa	-0,00546	-0,001511	-0,00066	0,02712	-0,00507	0,0077	0,00358	-0,0015	0,00084	-0,01122	0,06059	0
mongol	0,11847	0,08205	0,05849	0,05758	0,10767	0,08844	0,03581	0,09196	0,06792	0,02689	0,02689	0
oberwalli	0,01197	0,00747	0,01565	0,02771	0,00855	0,01833	0,00401	0,01203	0,01337	0,00342	0,06557	0
oszet	0,03336	0,03744	0,03993	0,03625	0,03019	0,0376	0,00994	0,03727	0,0418	0,02756	0,01684	0
rétoromán	0,03391	0,02764	0,02828	0,02725	0,02287	0,02613	0,01201	0,02156	0,02577	0,02016	0,04555	0
lapp	0,1565	0,14377	0,10139	0,14553	0,14258	0,15719	0,12268	0,15307	0,15282	0,12194	0,20144	0
szerb	0,00518	0,01044	0,02743	0,00668	0,01428	0,00511	0,0061	0,0084	0,02044	0,02444	0,00461	0
szlav. orosz	0,0128	0,00729	0,00632	0,02776	0,00998	0,01502	0,00079	0,01016	0,02282	0,00099	0,03187	0
szlovák	0,00039	0,00016	0,01282	-0,00062	0,00154	0,00355	0,00855	0,00032	0,01142	0,00794	0,02419	0
török	0,01238	0,0201	0,02329	0,00904	0,01426	0,01893	-0,00319	0,01501	0,02188	0,01117	0,01128	0
ujgur	0,0857	0,07427	0,06098	0,0584	0,08442	0,07776	0,0385	0,07455	0,05943	0,06634	0,06938	0
ukrán	-0,00399	-0,01347	-0,0086	0,01096	-0,00736	-0,00188	-0,01176	-0,00867	-0,01988	-0,01274	0,06004	0
grúz	0,03972	0,03329	0,04959	0,03133	0,0354	0,03059	0,01946	0,02983	0,02738	0,03297	0,00836	0
nyvkhi	0,25319	0,24811	0,24377	0,26259	0,24078	0,27207	0,18359	0,26552	0,22816	0,21079	0,2909	0
japán1	0,20391	0,16983	0,14481	0,17552	0,19844	0,18881	0,10964	0,18542	0,14487	0,14277	0,1446	0
japán2	0,22201	0,20378	0,18369	0,20695	0,22416	0,22401	0,22711	0,214	0,16171	0,16831	0,21572	0
thong. mongol	0,15111	0,13085	0,11677	0,13438	0,15102	0,14685	0,07718	0,13738	0,10257	0,10803	0,10961	0
zheng. mongol	0,19113	0,16203	0,14441	0,13167	0,19119	0,18525	0,09872	0,17577	0,12335	0,13309	0,12459	0
hoihoi mongol	0,13763	0,11784	0,09954	0,09219	0,1366	0,12626	0,06899	0,12133	0,09679	0,1023	0,09326	0
ősi kun	-0,00133	0,00649	0,01312	-0,00275	0,00287	-0,00985	-0,0155	-0,00851	-0,00829	0,02344	0,12163	0
magyar	0,00516	0,00439	0,02021	0,00316	0,00579	0,00181	0,0114	-0,00005	0,01403	0,01589	0,01975	0
székely	0,00515	0,0034	0,01162	0,00275	0,00463	0,00753	0,00753	0,00346	0,01081	0,0268	0,01096	0
gyimesi	0,01124	0,00744	0,02121	0,00974	0,01394	0,01446	0,01035	0,00904	0,01455	0,01455	0,03379	0
molnai	0,01157	-0,00043	-0,00108	0,01895	0,00509	0,01148	-0,00874	0,00925	0,00923	-0,00438	0,03013	0
honfoglalók	0,03313	0,02044	0,02545	0,03935	0,02537	0,01186	0,01186	0,02417	0,02006	0,03173	0,03942	0
klasszikus	0,11569	0,09464	0,09211	0,10748	0,10555	0,12559	0,05741	0,10834	0,08069	0,06743	0,12519	0
köznept	0,00998	0,00311	0,02643	0,03652	0,01349	0,01292	0,00845	0,00335	-0,00399	0,00728	0,05375	0

## Az egyes populációk között számolt Fst értékek (folytatás)

	burját	horvát	eu-kaukázusi	evenki	finn	görög	krétai	kazah kirgiz-felföldi	kirgiz-alföldi	komi	mari	moksa
burját	0											
horvát	0,12513	0										
eu-kaukázusi	0,20805	0,03306	0									
evenki	0,06001	0,24143	0,36204	0								
finn	0,099	0,02555	0,06817	0,18289	0							
görög	0,12872	0,00071	0,01257	0,23193	0,02883	0						
krétai	0,15244	0,00751	0,01952	0,26883	0,03982	0,00028	0					
kazah	0,01791	0,05745	0,12484	0,0792	0,03521	0,05639	0,07334	0				
kirgiz-felföldi	0,02405	0,07001	0,15334	0,08204	0,03922	0,07241	0,08652	0,01297	0			
kirgiz-alföldi	0,01098	0,12378	0,23843	0,07569	0,09024	0,12126	0,14739	0,00816	0,06935	0		
komi	0,08198	0,01881	0,0594	0,1805	0,03193	0,00319	0,0096	0,01802	0,03716	0		
mari	0,15215	-0,003	0,03483	0,23573	0,0375	0,00591	0,01054	0,07071	0,07393	0,04689	0	
moksa	0,13685	-0,00014	0,02789	0,22668	0,02958	-0,00427	-0,00307	0,051	0,06383	0,02551	-0,00752	0
mongol	0,00653	0,05302	0,13001	0,04714	0,05591	0,05279	0,08655	0,00386	0,00165	0,00882	0,05173	0,04703
oberwalli	0,11803	0,009	0,05755	0,21274	0,02874	-0,00043	0,01135	0,04427	0,05579	0,03934	0,01514	-0,01235
oszét	0,1151	0,02778	0,05925	0,20336	0,043	0,02193	0,03608	0,06375	0,05718	0,01699	0,01968	0,01877
rétoromán	0,14238	0,02543	0,1081	0,21748	0,04263	0,034	0,03469	0,06444	0,07135	0,06364	0,02501	0,02596
lapp	0,19611	0,15715	0,22517	0,26418	0,11067	0,13903	0,15904	0,14037	0,15079	0,15805	0,16275	0,14129
szlav	0,12684	0,00028	0,04153	0,22772	0,03236	0,00873	0,01991	0,06458	0,06204	0,12152	-0,00924	0,00815
szlovák	0,11762	0,01058	0,04955	0,21073	0,01306	0,01193	0,01486	0,0454	0,04991	0,10139	0,00584	-0,00229
török	0,1455	-0,00323	0,01985	0,25994	0,03197	-0,00075	0,00461	0,07122	0,07952	0,13871	-0,00584	-0,0067
ukrán	0,10067	0,01498	0,0426	0,17619	0,02381	0,00135	0,01379	0,03208	0,02888	0,07431	-0,00414	-0,00269
ugjur	0,02565	0,06069	0,13833	0,11137	0,04551	0,06243	0,07742	-0,00174	0,00072	0,00971	0,02455	0,06424
grúz	0,08864	-0,01292	0,03555	0,19015	0,01914	-0,00774	-0,01103	0,0189	0,0355	0,07137	-0,0138	-0,02132
niv'khi	0,24622	0,02552	0,07455	0,20827	0,03694	0,03163	0,02754	0,0556	0,0613	0,10947	0,02422	0,02367
japán1	0,03726	0,24861	0,32533	0,33031	0,22428	0,21643	0,23674	0,19942	0,22667	0,24415	0,23082	0,22682
japán2	0,0128	0,19561	0,33459	0,07351	0,11679	0,14835	0,1759	0,03754	0,0366	0,02602	0,16264	0,14601
thong, mongol	0,02386	0,11166	0,22851	0,07649	0,07363	0,11867	0,20986	0,00571	0,00664	0,01876	0,07502	0,17873
zheng, mongol	0,01008	0,13888	0,27352	0,06732	0,11042	0,14171	0,17203	0,01685	0,02425	0,01667	0,08465	0,12819
hohhot mongol	0,01704	0,09929	0,19151	0,08418	0,07397	0,10187	0,12419	0,00759	0,00491	0,00952	0,05805	0,09778
ősi kun	0,04757	-0,00873	0,05753	0,12303	0,01005	0,00117	0,00548	-0,00209	0,00071	0,04447	0,02811	0,03274
magyar	0,13353	-0,00584	0,02618	0,24885	0,0229	0,00557	0,01119	0,06406	0,07673	0,13703	0,00492	0,00482
székely	0,14129	-0,00112	0,02424	0,2412	0,03138	-0,0006	0,00728	0,07059	0,07693	-0,00257	-0,00967	-0,00511
gyimesi	0,11828	0,00308	0,05318	0,2076	0,02867	0,01958	0,01997	0,04803	0,05109	0,02937	-0,00841	-0,00003
moldivai	0,09754	-0,0032	0,06273	0,17396	0,006	0,00311	0,01584	0,03032	0,0273	-0,00215	-0,00712	-0,01354
honfoglalók	0,0919	0,02141	0,07623	0,1757	0,02069	0,02214	0,02349	0,02434	0,02645	0,0733	0,00744	0,00745
klasszikus	0,10059	0,10337	0,19874	0,1656	0,06675	0,08885	0,0998	0,03898	0,03798	0,06797	0,10263	0,06931
kőznépi	0,11439	-0,00169	0,0449	0,20787	0,03061	0,01338	0,00486	0,03983	0,05761	0,01455	0,01702	-0,00055

## Az egyes populációk között számolt Fst értékek (folytatás)

	mongol	oberwalli	osztét	rétoromán	lapp	szerb	szlav. orosz	szlovák	török	ujgur	ukrán	grúz	nivkhi
mongol	0												
oberwalli	0,04189	0											
osztét	0,0753	0,02054	0										
rétoromán	0,03732	0,03462	0,04227	0									
lapp	0,12424	0,14095	0,1383	0,12774	0								
szerb	0,05763	0,0168	0,02033	0,01557	0,16214	0							
szlav. orosz	0,05379	0,00711	0,02723	0,0165	0,11416	0,01563	0						
szlovák	0,07789	0,01012	0,03103	0,02487	0,15547	0,0044	0,00963	0					
török	0,03638	-0,00172	0,00626	0,01983	0,13617	0,00948	0,00546	0,01074	0				
ujgur	0,00222	0,04902	0,06133	0,07369	0,15921	0,06665	0,05333	0,07249	0,03852	0			
ukrán	0,01735	-0,00303	0,01264	0,0162	0,14161	0,00227	-0,00997	-0,01151	-0,01133	0			
grúz	0,05797	0,02277	0,04213	0,03305	0,17685	0,03301	0,02674	0,03375	0,0177	0,05984	0,00698	0	
nivkhi	0,14797	0,19742	0,18707	0,25229	0,29428	0,2437	0,21001	0,23079	0,17493	0,2157	0,20167	0,22004	0
japán1	0,02529	0,11965	0,1307	0,1468	0,19795	0,15551	0,12763	0,16984	0,10115	0,03453	0,11057	0,1298	0,22839
japán2	0,00059	0,15221	0,13738	0,17384	0,22553	0,18572	0,15114	0,2052	0,11331	0,02882	0,12779	0,15016	0,25438
thong. mongol	0,00861	0,08881	0,10067	0,10508	0,17453	0,11755	0,0933	0,13198	0,0706	0,01207	0,07279	0,10111	0,23518
zheng. mongol	0,00689	0,10971	0,11851	0,1256	0,20456	0,14181	0,12143	0,16286	0,09181	0,02462	0,08709	0,11371	0,24592
hohhot mongol	0,00756	0,08055	0,08665	0,09914	0,16819	0,10014	0,08569	0,11576	0,06207	0,0056	0,0657	0,0925	0,22215
ősi kun	-0,02	0,02505	0,00574	0,0282	0,12683	-0,01155	0,00703	-0,00061	-0,01116	0,00179	-0,01052	0,00562	0,24514
magyar	0,06689	0,01501	0,03526	0,02614	0,15978	0,00378	0,0127	0,0003	0,01991	0,06932	-0,0038	0,02442	0,2569
székely	0,07161	0,01533	0,03066	0,0186	0,14186	0,00639	0,00834	-0,00032	0,01211	0,07801	-0,01558	0,02535	0,23008
gyimesi	0,04272	0,00456	0,0315	0,02064	0,1543	0,00559	0,00619	0,00603	0,01184	0,04959	-0,00525	0,02934	0,22751
moldvai	0,03825	-0,01391	0,014	0,00808	0,11555	0,00033	-0,00537	0,00246	-0,00548	0,03553	-0,02062	0,01955	0,18949
honfoglalók	0,03746	0,0015	0,03278	0,02044	0,13051	0,03215	0,0115	0,02195	-0,00353	0,03179	-0,00429	0,02572	0,21118
klasszikus	0,04131	0,03858	0,07626	0,07001	0,15343	0,10804	0,06088	0,1019	0,02409	0,04798	0,0535	0,07226	0,21212
köznépi	0,03604	0,0257	0,02434	0,02701	0,16829	0,00508	0,01423	-0,00363	0,00782	0,05454	-0,01666	0,02	0,25454
japán1	0	japán2thong. mongolzhong. mongol	osztét	rétoromán	lapp	szerb	szlav. orosz	szlovák	gyimesi	moldvai	honfoglalók	klasszikus	köznépi
japán2	-0,00996	0	0										
thong. mongol	0,01813	0,00722	-0,00171	0									
zhong. mongol	0,0125	-0,00096	-0,00319	0,00244	0								
hohhot mongol	0,01367	0,00236	0,00405	0,0582	0,02876	0							
ősi kun	0,08374	0,10571	0,04045	0,15763	0,11086	-0,00855	0						
magyar	0,16884	0,21062	0,1255	0,15763	0,11575	-0,00382	0,00277	0					
székely	0,1657	0,19523	0,12867	0,1524	0,11575	-0,00382	0,00277	0,01528	0				
gyimesi	0,12844	0,15532	0,0872	0,11357	0,08095	0,00588	0,00878	0,0007	-0,00374	0			
moldvai	0,10303	0,10679	0,06429	0,08305	0,06112	-0,01101	0,00777	0,0007	0,0175	-0,00947	0		
honfoglalók	0,09215	0,10484	0,05625	0,07763	0,05606	0,00418	0,0274	0,02496	0,0175	-0,00947	0		
klasszikus	0,06704	0,07461	0,04939	0,06709	0,05478	0,06991	0,11597	0,10028	0,07806	0,02293	-	0	
köznépi	0,14074	0,16843	0,09385	0,1106	0,08782	0,01286	-0,00204	-0,00484	0,00367	-0,00277	-	0,09015	0



## 4. Az egyes populációk között számolt Fst értékekhez tartozó p értékek

	iraki	szír	palesztin	örmény	azeri	észak-osztét	bolgár	román	albán	olasz	szicíliai	szardiniai	portugál (D)
iraki	*												
szír	0.68063	*											
palesztin	0.45005	0.79032	*										
örmény	0.47352	0.36818	0.04138	*									
azeri	0.23077	0.10811	0.23097	0.31116	*								
észak-osztét	0.00515	0.05138	0.03772	0.00059	0.42382	*							
bolgár	0.05990	0.05485	0.02960	0.43095	0.83170	0.02534	*						
román	0.00980	0.01663	0.00663	0.10454	0.68597	0.00327	0.32957	*					
albán	0.00020	0.00465	0.00000	0.00000	0.03010	0.03029	0.00337	0.00000	*				
olasz	0.06296	0.11652	0.04970	0.07009	0.75488	0.00208	0.14236	0.15276	0.00020	*			
szicíliai	0.01832	0.01772	0.01604	0.14781	0.80249	0.01079	0.11949	0.00485	0.00000	0.09811	*		
szardiniai	0.00327	0.00505	0.00168	0.01723	0.21424	0.00198	0.07583	0.09514	0.00000	0.05950	0.10662	*	
portugál (D)	0.08762	0.34630	0.30858	0.02831	0.22414	0.01218	0.02356	0.00762	0.00000	0.01772	0.01386	0.01069	*
spanyol (DKö)	0.31591	0.14900	0.10989	0.35185	0.59974	0.08643	0.70726	0.23067	0.00000	0.48866	0.32819	0.49074	0.15147
galíciai	0.00020	0.00158	0.00059	0.00079	0.06702	0.00000	0.01396	0.00000	0.00000	0.00059	0.01049	0.01871	0.00020
baszk	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00911	0.00000	0.00030	0.00010	0.00000	0.00000	0.00000	0.00911	0.00000
svájci	0.00089	0.00149	0.00050	0.01445	0.71290	0.00000	0.03386	0.07108	0.00000	0.05217	0.03326	0.04584	0.00000
osztrák	0.10989	0.02534	0.03158	0.34620	0.86962	0.02366	0.85853	0.24532	0.00030	0.43639	0.19671	0.16781	0.00634
lengyel	0.00000	0.00248	0.00040	0.00079	0.59519	0.00000	0.07762	0.07762	0.00000	0.00505	0.07039	0.02277	0.00010
orosz	0.00040	0.00287	0.00050	0.00158	0.90080	0.00149	0.15503	0.10702	0.00000	0.07267	0.06989	0.02386	0.00000
cseh	0.03138	0.00574	0.01584	0.04564	0.94793	0.01841	0.30581	0.33353	0.00000	0.28720	0.09494	0.47292	0.00762
dán	0.10712	0.06683	0.20295	0.21750	0.93921	0.14860	0.14246	0.09940	0.00020	0.33551	0.27176	0.08702	0.04425
svéd	0.06524	0.01327	0.02406	0.15395	0.55301	0.01307	0.21651	0.22968	0.00069	0.11920	0.06742	0.22948	0.01049
norvég	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.41491	0.00000	0.00673	0.00208	0.00000	0.00000	0.00485	0.00762	0.00000
izlandi	0.00000	0.00010	0.00000	0.00000	0.12326	0.00000	0.00020	0.00000	0.00000	0.00010	0.00040	0.00168	0.00000
walesi	0.00376	0.00069	0.00287	0.02475	0.24819	0.00010	0.02049	0.00327	0.00000	0.00792	0.01624	0.01921	0.00099
skót	0.00000	0.00010	0.00020	0.00000	0.33957	0.00000	0.00267	0.00129	0.00000	0.00020	0.00030	0.00515	0.00000
észti	0.00000	0.00040	0.00010	0.00129	0.48371	0.00059	0.08752	0.05089	0.00129	0.00257	0.00614	0.05178	0.00030
karéli	0.00000	0.00109	0.00050	0.00663	0.32601	0.00792	0.08573	0.08306	0.05257	0.00901	0.00525	0.00634	0.00386
belga	0.03564	0.01673	0.00653	0.04871	0.04811	0.00208	0.05950	0.00812	0.04821	0.00851	0.00525	0.01198	0.00416
angol	0.00168	0.00198	0.00059	0.00851	0.75329	0.00059	0.12533	0.02208	0.00000	0.04475	0.22651	0.16513	0.00000
német	0.00010	0.00119	0.00000	0.01307	0.65885	0.00000	0.19553	0.07336	0.00000	0.01317	0.07811	0.11326	0.00000
ír	0.00030	0.00010	0.00000	0.00099	0.21661	0.00000	0.07366	0.00040	0.00000	0.00099	0.00644	0.02624	0.00000
kurd	0.44095	0.50411	0.57173	0.37877	0.38452	0.68736	0.38996	0.08296	0.00000	0.09811	0.14405	0.03980	0.28314
francia	0.00020	0.00089	0.00000	0.00050	0.29502	0.00000	0.08554	0.00594	0.00000	0.00446	0.04415	0.08801	0.00000
adigey	0.00040	0.00119	0.00158	0.00010	0.06881	0.00188	0.00267	0.00030	0.73517	0.00158	0.00079	0.00198	0.00030
fehérorosz	0.02713	0.01307	0.04267	0.09841	0.78794	0.12662	0.09385	0.33809	0.00000	0.21028	0.06811	0.20948	0.09138

## Az egyes populációk között számolt Fst értékekhez tartozó p értékek (folytatás)

	iraki	szír	palesztin	örmény	azeri	észak-oszt	bolgár	román	albán	olasz	szicíliai	sardiniái	portugál (D)
boscogurin	0.17078	0.05980	0.11682	0.18305	0.12524	0.04683	0.04831	0.03336	0.01168	0.04455	0.01604	0.08801	0.04960
bosnyák	0.00050	0.00050	0.00040	0.00010	0.36561	0.00010	0.00782	0.00030	0.00030	0.00099	0.00644	0.00168	0.00010
burját	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
horvát	0.01921	0.01277	0.04396	0.04861	0.36699	0.03356	0.26205	0.06376	0.00059	0.10633	0.10108	0.28265	0.01049
eu-kaukázusi	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.01832	0.00000	0.00000	0.00010	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
evenki	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
finn	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00327	0.00020	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
görög	0.16761	0.17464	0.11227	0.71330	0.84318	0.04247	0.30660	0.33868	0.00000	0.59054	0.21641	0.14216	0.02930
krétai	0.00723	0.01099	0.00376	0.06405	0.31957	0.00000	0.02277	0.02247	0.00030	0.05524	0.00594	0.00842	0.00010
kazah	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
kirgiz-felföldi	0.00000	0.00010	0.00000	0.00000	0.00000	0.00010	0.00000	0.00000	0.00010	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
kirgiz-alföldi	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
komi	0.85001	0.70736	0.86110	0.72854	0.85605	0.34145	0.46837	0.28849	0.27869	0.56331	0.18285	0.08821	0.24800
mari	0.34502	0.14563	0.28116	0.48857	0.69746	0.26255	0.40570	0.29631	0.00376	0.40798	0.13603	0.35185	0.20820
moksa	0.32670	0.23562	0.38580	0.70072	0.98485	0.27146	0.45817	0.69548	0.08762	0.65855	0.34828	0.37986	0.20097
mongol	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
oberwalli	0.11979	0.11603	0.16187	0.41501	0.45788	0.09959	0.14484	0.17186	0.00396	0.12098	0.09009	0.06920	0.08306
oszt	0.00030	0.00030	0.00000	0.00000	0.00307	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
rétoromán	0.04782	0.03812	0.02980	0.07831	0.14543	0.05148	0.06940	0.06128	0.00861	0.03623	0.02030	0.10454	0.05029
lapp	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
szerb	0.00881	0.00069	0.00238	0.00446	0.12840	0.00218	0.02624	0.00257	0.00020	0.00188	0.00228	0.00990	0.00050
szlav. orosz	0.00327	0.01841	0.06782	0.04336	0.63934	0.07712	0.08781	0.20602	0.00000	0.01337	0.00426	0.01337	0.12731
szlovák	0.00396	0.00406	0.01010	0.01049	0.72676	0.00030	0.14702	0.07762	0.00000	0.11128	0.05316	0.11860	0.00218
török	0.67785	0.74250	0.59301	0.53460	0.45649	0.11761	0.16078	0.17157	0.00000	0.20057	0.06059	0.06019	0.26483
ujgur	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
ukrán	0.97862	0.86813	0.98594	0.93218	0.99347	0.80160	0.92931	0.76280	0.31472	0.98208	0.66063	0.51114	0.80645
grúz	0.00149	0.00634	0.00376	0.00198	0.00584	0.00347	0.00109	0.00059	0.00000	0.00010	0.00010	0.00109	0.00050
nivkhi	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
japán1	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
japán2	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
thong. mongol	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
zheng. mongol	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
hohhot mongol	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
ósi kun	0.74854	0.67944	0.68676	0.71092	0.73864	0.61598	0.58618	0.19295	0.99990	0.45015	0.34620	0.29858	0.34967
magyar	0.00020	0.00050	0.00119	0.00069	0.26116	0.00020	0.01861	0.00832	0.00000	0.00356	0.00238	0.06059	0.00000
székely	0.01931	0.00812	0.01356	0.01940	0.80131	0.00990	0.49163	0.42422	0.00000	0.22612	0.02138	0.12702	0.00277
gyimesi	0.01059	0.00950	0.03257	0.02792	0.10237	0.01782	0.02208	0.01851	0.00000	0.01911	0.01257	0.04435	0.02178
molddvai	0.18879	0.33957	0.25166	0.31947	0.70745	0.57945	0.50668	0.45382	0.30710	0.14068	0.15008	0.20642	0.24592
honfoglaló	0.02416	0.10187	0.06524	0.00881	0.08692	0.01990	0.00624	0.01544	0.00000	0.00673	0.00505	0.00505	0.03485
klasszikus	0.00040	0.00446	0.00119	0.00010	0.00079	0.00030	0.00000	0.00040	0.00000	0.00010	0.00000	0.00000	0.00089
köznépi	0.25394	0.07940	0.33977	0.14315	0.66993	0.15622	0.13850	0.14929	0.00089	0.24710	0.10949	0.22968	0.06821



## Az egyes populációk között számolt Fst értékekhez tartozó p értékek (folytatás)

	spanyol (DKö)	galíciai	baszk	svájci	osztrák	lengyel	orosz	cseh	dán	svéd	norvég	izlandi	walesi
<b>spanyol (DKö)</b>	*												
galíciai	0.14761	*											
baszk	0.00228	0.00218	*										
svájci	0.19741	0.00208	0.00000	*									
osztrák	0.90734	0.02317	0.00099	0.63974									
lengyel	0.12177	0.00505	0.00010	0.07851	*								
orosz	0.28126	0.00109	0.00010	0.11444	0.25116	*							
cseh	0.87684	0.05811	0.01188	0.77161	0.54005	0.22394	*						
dán	0.42590	0.04544	0.01010	0.62390	0.92149	0.46916	0.78131	*					
svéd	0.35343	0.16810	0.01445	0.63994	0.66825	0.28591	0.42243	0.52262	*				
norvég	0.03722	0.00277	0.00020	0.05841	0.53787	0.28562	0.30086	0.77477	0.33739	*			
izlandi	0.01762	0.00020	0.00000	0.00030	0.53985	0.00149	0.00545	0.55905	0.81230	0.28433	*		
walesi	0.28809	0.57291	0.00089	0.28324	0.09128	0.00000	0.00000	0.21077	0.52529	0.19850	0.00000	*	
skót	0.12959	0.00653	0.00000	0.08880	0.15266	0.04524	0.02426	0.43095	0.33185	0.46114	0.14058	0.03940	*
észti	0.10078	0.00208	0.00040	0.02119	0.35987	0.00000	0.00000	0.57222	0.58608	0.45768	0.00178	0.00020	0.53925
karéli	0.01277	0.00000	0.00020	0.00059	0.51173	0.21889	0.09603	0.61855	0.28047	0.40016	0.06306	0.00010	0.01802
belga	0.08564	0.08128	0.00337	0.02099	0.04227	0.03277	0.05801	0.02228	0.03049	0.03287	0.00624	0.00000	0.00000
angol	0.49490	0.03643	0.00000	0.61251	0.05574	0.01634	0.00683	0.01455	0.01178	0.33502	0.00762	0.00396	0.03069
német	0.24136	0.00257	0.00000	0.18048	0.88556	0.08405	0.18186	0.76052	0.74309	0.42808	0.42669	0.01436	0.33333
ír	0.23740	0.09761	0.00040	0.01040	0.56965	0.08435	0.06524	0.41996	0.25166	0.22077	0.00465	0.00000	0.04604
kurd	0.54282	0.01891	0.00000	0.01386	0.22334	0.00020	0.00069	0.22493	0.13811	0.27453	0.00238	0.00020	0.17434
francia	0.38660	0.07910	0.00020	0.11553	0.34838	0.01574	0.04495	0.09900	0.48530	0.04010	0.00762	0.00337	0.03138
adigey	0.01911	0.00020	0.00030	0.00000	0.50381	0.01940	0.00842	0.70062	0.26047	0.41095	0.00396	0.00000	0.19206
fehérorosz	0.17325	0.00069	0.00178	0.03049	0.01426	0.00030	0.00059	0.05504	0.04792	0.08910	0.00000	0.00000	0.00069
					0.19265	0.08870	0.17830	0.35373	0.22503	0.09316	0.02653	0.00614	0.00832

## Az egyes populációk között számolt Fst értékekhez tartozó p értékek (folytatás)

	spanyol (DK6)	galíciai	baszk	svájci	osztrák	lengyel	orosz	cseh	dán	svéd	norvég	ízlandi	walesi
boscogurin	0.18167	0.08930	0.01000	0.04960	0.08841	0.03821	0.01990	0.09237	0.01020	0.24027	0.02742	0.06801	0.04930
bosnyák	0.01940	0.04604	0.00000	0.04049	0.03416	0.01742	0.00980	0.09801	0.22978	0.22542	0.00208	0.00040	0.12167
burját	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
horvát	0.83982	0.34333	0.08851	0.25898	0.70884	0.29057	0.33957	0.87160	0.49985	0.59756	0.44540	0.08969	0.41214
eu-kaukázusi	0.00000	0.00000	0.00000	0.00059	0.00020	0.00000	0.00000	0.00178	0.02257	0.04514	0.00000	0.00000	0.00069
evenki	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
finn	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00010	0.00178	0.00020	0.00000	0.00000	0.00000
görög	0.58598	0.05871	0.00436	0.84239	0.72359	0.35878	0.46283	0.46748	0.81566	0.40154	0.45293	0.13622	0.21127
krétai	0.04594	0.00020	0.00000	0.08385	0.09791	0.00356	0.00594	0.10831	0.11425	0.18483	0.00000	0.00000	0.01129
kazah	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00010	0.00000	0.00000	0.00000
kirgiz-felföldi	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
kirgiz-alföldi	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
komi	0.45293	0.09375	0.00426	0.16028	0.33086	0.27809	0.28007	0.20523	0.11336	0.32690	0.10445	0.14048	0.02812
mari	0.60608	0.27700	0.06395	0.39531	0.50817	0.29957	0.36650	0.51252	0.31096	0.81358	0.45778	0.44332	0.42016
moksa	0.50559	0.10098	0.04534	0.79646	0.86635	0.88902	0.81606	0.77557	0.65597	0.84506	0.77646	0.57182	0.19899
mongol	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00020	0.00010	0.00000	0.00000	0.00000
oberwalli	0.20077	0.04940	0.01148	0.24829	0.28175	0.20206	0.12840	0.15583	0.30353	0.26384	0.13019	0.04792	0.08712
oszt	0.00020	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.02485	0.00297	0.00000	0.00000	0.00000
rétoromán	0.08801	0.05405	0.02030	0.02861	0.07920	0.05336	0.04069	0.11801	0.01485	0.10435	0.03445	0.02831	0.02723
lapp	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
szerb	0.10296	0.08979	0.00139	0.02871	0.19067	0.00317	0.00376	0.32215	0.36244	0.33046	0.04594	0.06445	0.58153
szlav. orosz	0.05742	0.00050	0.00000	0.00188	0.03198	0.01119	0.01327	0.08306	0.06287	0.05346	0.00089	0.00000	0.00356
szlovák	0.55440	0.02386	0.00089	0.69468	0.72399	0.22869	0.25691	0.98535	0.89674	0.58984	0.42986	0.02109	0.42897
török	0.32413	0.05594	0.00050	0.06138	0.15929	0.04435	0.03742	0.10118	0.25750	0.10999	0.01297	0.05009	0.05881
ujgur	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
ukrán	0.96297	0.39461	0.05346	0.75992	0.94238	0.93397	0.98020	0.91407	0.46114	0.72448	0.60925	0.47164	0.26730
grúz	0.00406	0.00000	0.00000	0.00010	0.00069	0.00010	0.00000	0.00089	0.00089	0.00545	0.00000	0.00000	0.00020
nivkhi	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
japán1	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
japán2	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
thong. mongol	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
zheng. mongol	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
hohhot mongol	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
ósi kun	0.81140	0.72042	0.19721	0.35967	0.53826	0.48124	0.40046	0.36581	0.21651	0.53193	0.42134	0.33165	0.32076
magyar	0.32244	0.07217	0.00307	0.06930	0.14959	0.02297	0.01287	0.82398	0.16979	0.51183	0.02426	0.00376	0.33185
székely	0.33838	0.00297	0.00109	0.13246	0.75606	0.02851	0.15345	0.90100	0.35284	0.47292	0.07227	0.02327	0.04138
gyimesi	0.11831	0.03534	0.00584	0.03326	0.06871	0.05326	0.02980	0.14444	0.09514	0.24770	0.05683	0.03307	0.11712
molдавai	0.52836	0.06811	0.03564	0.10791	0.41758	0.23522	0.34997	0.40343	0.64706	0.21156	0.20473	0.06475	0.08138
honfoglaló	0.01386	0.00040	0.00010	0.00119	0.00337	0.00762	0.00257	0.01287	0.05336	0.01416	0.00020	0.00040	0.00010
klasszikus	0.00000	0.00000	0.00000	0.00010	0.00010	0.00010	0.00000	0.00000	0.00079	0.00000	0.00000	0.00010	0.00000
kőznépi	0.35848	0.07168	0.01940	0.22216	0.31027	0.22226	0.30452	0.73696	0.25809	0.54262	0.17959	0.32561	0.07286

Az egyes populációk között számolt Fst értékekhez tartozó p értékek (folytatás)

skót	észti	karéli	belga	angol	német	ír	kurd	francia	adigey	fehérorosz	boscogurin	bosnyák
skót *												
észti *	0.00327											
karéli	0.08771	*										
belga	0.02287	0.00475	*									
angol	0.05267	0.00406	0.01970	*								
német	0.01733	0.01653	0.01554	0.31442	0.00277	*						
ír	0.37224	0.00460	0.01970	0.33690	0.03990	0.03029						
kurd	0.00129	0.00050	0.08316	0.05415	0.07544	0.01851	*					
francia	0.00545	0.01693	0.02980	0.03376	0.03990	0.00277	0.00020					
adigey	0.00198	0.05821	0.09207	0.36274	0.00000	0.001851	0.00020	*				
fehérorosz	0.00000	0.01624	0.01188	0.00010	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.02881	*		
boscogurin	0.01703	0.18384	0.00050	0.06643	0.09979	0.00178	0.19077	0.11583	0.12969	0.00941	*	
bosnyák	0.06712	0.07682	0.18097	0.04802	0.03069	0.05257	0.13375	0.02119	0.00040	0.00119	0.03158	*
burját	0.00059	0.00376	0.02980	0.09534	0.00129	0.02525	0.00564	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
horvát	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
eu-kaukázusi	0.19463	0.46530	0.11128	0.42709	0.22067	0.34878	0.24008	0.78230	0.21315	0.07910	0.07673	0.11593
evenki	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
finn	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
görög	0.51460	0.10722	0.08861	0.67370	0.46758	0.22800	0.22740	0.25938	0.01485	0.30274	0.00733	0.00000
krétai	0.00000	0.00208	0.00050	0.00931	0.00158	0.00030	0.01257	0.00287	0.00277	0.03713	0.03742	0.00317
kazah	0.00000	0.00000	0.00010	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00584	0.00000
kirgiz-kelet	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00030	0.00000	0.00000	0.00000	0.00564	0.00000
kirgiz-alföldi	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
komi	0.17285	0.14256	0.15771	0.20790	0.15612	0.11296	0.39808	0.23909	0.20295	0.20661	0.00149	0.13553
mari	0.54569	0.41006	0.09148	0.46174	0.28106	0.38402	0.36590	0.28888	0.50470	0.31829	0.02119	0.27621
moksa	0.68310	0.96436	0.43956	0.70953	0.66805	0.18335	0.31403	0.48886	0.38976	0.83794	0.04237	0.39006
mongol	0.00000	0.00000	0.00158	0.00000	0.00000	0.00000	0.00010	0.00000	0.00000	0.00000	0.12058	0.00000
oberwalli	0.11009	0.20137	0.03960	0.20394	0.16563	0.05118	0.31007	0.10672	0.12128	0.31848	0.02663	0.09870
oszét	0.00000	0.00000	0.00139	0.00000	0.00000	0.00000	0.03762	0.00000	0.00000	0.00099	0.14246	0.00000
rétorómán	0.02822	0.11840	0.04376	0.03416	0.05316	0.04208	0.15880	0.06059	0.05643	0.07346	0.06712	0.02198
lapp	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00010	0.00000
szerb	0.08039	0.02505	0.00040	0.05831	0.00248	0.09346	0.13712	0.02732	0.00218	0.00158	0.31848	0.03148
szlav. orosz	0.00040	0.02426	0.07088	0.00178	0.01525	0.00030	0.37333	0.00257	0.00020	0.36313	0.03643	0.00010
szlovák	0.32502	0.40640	0.00416	0.01891	0.14820	0.05079	0.04564	0.34670	0.00723	0.05653	0.07762	0.06485
török	0.05217	0.01495	0.00921	0.03376	0.03178	0.01822	0.59717	0.03574	0.01841	0.08930	0.22651	0.11850
ujgur	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00010	0.00000	0.00000	0.00000	0.00287	0.00000
ukrán	0.57707	0.88466	0.69706	0.19483	0.72458	0.47599	0.83190	0.76458	0.96575	0.85289	0.02643	0.77279
grúz	0.00000	0.00000	0.00000	0.01426	0.00000	0.00020	0.01346	0.00020	0.00139	0.00089	0.27532	0.00010
nyvkhi	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00020	0.00000
japán1	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
japán2	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
thong. mongol	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00020	0.00000
zheng. mongol	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00079	0.00000
hothot mongol	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00079	0.00000
ősi kun	0.44510	0.28631	0.21473	0.98020	0.34165	0.66657	0.80358	0.61420	0.60291	0.09880	0.02059	0.57272
magyar	0.02099	0.06920	0.00069	0.04861	0.08455	0.18167	0.02396	0.42095	0.00277	0.00772	0.11296	0.04910
székely	0.04257	0.16117	0.02525	0.03307	0.15226	0.07316	0.09563	0.12126	0.02812	0.19186	0.08237	0.00941
gyimesi	0.04980	0.12712	0.01356	0.02624	0.02356	0.02515	0.09158	0.07286	0.04821	0.04930	0.06633	0.05990
moldvai	0.09395	0.44105	0.47292	0.04811	0.19117	0.08801	0.83546	0.12583	0.16107	0.63806	0.05999	0.10623
honfoglaló	0.00030	0.00743	0.00347	0.00277	0.00099	0.00020	0.06405	0.00238	0.01584	0.05405	0.05316	0.00248
klasszikus	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00079	0.00000	0.00020	0.00050	0.00525	0.00000
köznépi	0.15008	0.31819	0.03722	0.01386	0.09524	0.11336	0.20978	0.29839	0.55361	0.23265	0.04069	0.27314

## Az egyes populációk között számolt Fst értékekhez tartozó p értékek (folytatás)

	burját *	horvát	eu-kaukázusi	evenki	finn	görög	krétai	kazah kirgiz-felföldi kirgiz-alföldi	komi	mari	moksa
burját	0.00000										
horvát	0.00000	*									
eu-kaukázusi	0.00000	0.00168	*								
evenki	0.00000	0.00000	0.00000	*							
finn	0.00000	0.00020	0.00000	0.00000	*						
görög	0.00000	0.38907	0.06485	0.00000	0.00069	*					
krétai	0.00000	0.05445	0.00000	0.00000	0.00000	0.39798	*				
kazah	0.00079	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	*			
kirgiz-felföldi	0.00297	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.55420			
kirgiz-alföldi	0.03386	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.06841	0.09148	*		
komi	0.00099	0.11098	0.01554	0.00000	0.03455	0.34224	0.19553	0.10900	0.00307	*	
mari	0.00000	0.51025	0.06841	0.00000	0.02534	0.30076	0.19216	0.00129	0.00238	0.04584	*
moksa	0.00000	0.41699	0.05871	0.00000	0.01931	0.59162	0.53044	0.00168	0.00089	0.54747	*
mongol	0.04089	0.00000	0.00000	0.00059	0.00000	0.00000	0.00000	0.16652	0.33373	0.13464	
oberwalli	0.00000	0.19810	0.00832	0.00000	0.01822	0.44233	0.13187	0.00337	0.00307	0.15375	0.08118
oszét	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00535	0.00000	0.00000	0.00000	0.05396	0.67033
rétoromán	0.00000	0.05891	0.00188	0.00000	0.01356	0.02188	0.02059	0.00208	0.00139	0.11801	0.06475
lapp	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00713	0.14355	0.12009
szerb	0.00000	0.41659	0.00050	0.00000	0.00000	0.08395	0.00208	0.00000	0.00040	0.00010	0.00010
szlav. orosz	0.00000	0.03218	0.00000	0.00000	0.00208	0.03722	0.00099	0.00000	0.00000	0.67954	0.20285
szlovák	0.00000	0.76329	0.00020	0.00000	0.00000	0.48728	0.04406	0.00000	0.00000	0.28898	0.52777
török	0.00000	0.04950	0.00663	0.00000	0.01168	0.37392	0.05188	0.00000	0.25611	0.60509	0.70617
ujgur	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.63330	0.56915	0.54678	0.51827
ukrán	0.00020	0.81546	0.04940	0.00010	0.07554	0.69161	0.83299	0.08603	0.05297	0.00030	0.00030
grúz	0.00000	0.00347	0.00000	0.00000	0.00000	0.00208	0.00069	0.00000	0.79804	0.67290	0.82814
nyvkhi	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.09950	0.08960	0.06098
japán1	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00010	0.00020	0.00000
japán2	0.09217	0.00000	0.00000	0.00248	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00040	0.00000	0.00000
thong. mongol	0.00218	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.01634	0.00010	0.00000	0.00000
zheng. mongol	0.05316	0.00000	0.00000	0.00010	0.00000	0.00000	0.00000	0.15325	0.01921	0.00079	0.00000
hohhot mongol	0.00010	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.02465	0.03871	0.00010	0.00000
ősi kun	0.02861	0.59925	0.04802	0.00396	0.24463	0.38897	0.29750	0.04693	0.17543	0.00337	0.00000
magyar	0.00000	0.94020	0.00020	0.00000	0.00000	0.14721	0.00307	0.45906	0.03772	0.29542	0.12236
székely	0.00000	0.50639	0.00089	0.00000	0.00000	0.46005	0.03940	0.00000	0.09266	0.30373	0.27413
gyimesi	0.00000	0.29829	0.00069	0.00000	0.00257	0.02544	0.01287	0.00059	0.047540	0.66083	0.58648
moldvai	0.00000	0.57361	0.00347	0.00000	0.21721	0.31650	0.05673	0.00950	0.06524	0.62004	0.44055
honfoglaló	0.00000	0.01683	0.00000	0.00000	0.00703	0.01594	0.00604	0.00485	0.49223	0.61717	0.80299
klasszikus	0.00010	0.00000	0.00000	0.00000	0.00030	0.00030	0.00000	0.00713	0.26542	0.04287	0.25849
kőznépi	0.00000	0.47540	0.02089	0.00000	0.01940	0.11900	0.26017	0.00822	0.02376	0.00198	0.01099
									0.22136	0.20156	0.41016

## Az egyes populációk között számolt Fst értékekhez tartozó p értékek (folytatás)

	mongol	oberwalli	osztét	rétoromán	lapp	szerb szlav. orosz	szlovák	török	ujgur	ukrán	grúz	nivkhi
mongol	*											
oberwalli		*										
osztét	0.10415	0.05871	*									
rétoromán	0.12316	0.05475	0.01544	*								
lapp	0.00000	0.00000	0.00000	0.00188	*							
szerb	0.00000	0.08138	0.00248	0.11979	0.00000	*						
szlav. orosz	0.00000	0.20859	0.00010	0.10454	0.00000	0.00515	*					
szlovák	0.00000	0.14880	0.00000	0.04534	0.00000	0.13850	0.07524	*				
török	0.03059	0.48985	0.18068	0.08296	0.00000	0.12197	0.00000	0.00000	*			
ujgur	0.24285	0.00228	0.00000	0.00069	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.02643	*		
ukrán	0.14830	0.50233	0.14652	0.20117	0.00000	0.36907	0.84714	0.78804	0.00000	0.27225	*	
grúz	0.00000	0.05643	0.00000	0.03515	0.00000	0.00089	0.00020	0.04752	0.00000	0.00020	0.00000	*
nivkhi	0.00000	0.00010	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
japán1	0.00000	0.00010	0.00000	0.00010	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
japán2	0.29354	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00921	0.00000	0.00000	0.00000
thong. mongol	0.13038	0.00010	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00010	0.03069	0.00089	0.00000	0.00000
zheng. mongol	0.16474	0.00010	0.00000	0.00010	0.00000	0.00000	0.00000	0.00010	0.00327	0.00218	0.00000	0.00000
hohhot mongol	0.03128	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.07247	0.00059	0.00000	0.00000
ősi kun	0.48233	0.16018	0.30591	0.13751	0.00713	0.68280	0.42996	0.71062	0.37313	0.60826	0.32383	0.00109
magyar	0.00000	0.08722	0.00000	0.04861	0.00000	0.17761	0.37877	0.01683	0.00000	0.55282	0.00149	0.00000
székely	0.00000	0.10217	0.00000	0.11207	0.00000	0.12900	0.45570	0.08890	0.00000	0.89486	0.00515	0.00000
gyimesi	0.00228	0.32234	0.00178	0.10761	0.00000	0.20701	0.15899	0.11088	0.00000	0.58351	0.00673	0.00000
moldvai	0.07910	0.82210	0.09167	0.26601	0.00010	0.41352	0.69696	0.66162	0.00366	0.93070	0.05910	0.00000
honfoglaló	0.00238	0.38323	0.00079	0.11187	0.00000	0.00238	0.00624	0.58509	0.00059	0.52292	0.01168	0.00000
klasszikus	0.10890	0.05297	0.00000	0.01307	0.00000	0.00000	0.00059	0.00366	0.00228	0.03119	0.00119	0.00000
köznépi	0.12425	0.10949	0.03713	0.10118	0.00000	0.27502	0.57182	0.23018	0.00089	0.75854	0.08197	0.00000
japán1	*											
japán2	0.88318	*										
thong. mongol	0.00743	0.21483	*									
zheng. mongol	0.03703	0.43649	0.49629	*								
hohhot mongol	0.00376	0.31720	0.66399	0.26334	*							
ősi kun	0.00386	0.00069	0.04594	0.02732	0.07554	*						
magyar	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.62063	*					
székely	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.48490	0.21315	*				
gyimesi	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.33215	0.10286	0.05257	*			
moldvai	0.00000	0.00000	0.00030	0.00030	0.00000	0.68934	0.16820	0.38947	0.56984	*		
honfoglaló	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.35115	0.00158	0.00723	0.06247	0.79824	*	
klasszikus	0.00040	0.00158	0.00406	0.00277	0.00109	0.04118	0.00000	0.00000	0.00059	0.08702	-	*
köznépi	0.00000	0.00000	0.00010	0.00000	0.00010	0.27453	0.50936	0.57598	0.34957	0.52807	-	0.00257